

Le printemps de Baillarguet

Journées des non-titulaires

Les 2 et 3 juin 2016

Ouvert à tous



Salle de réunion du CBGP

printemps_baillarguet@cirad.fr

<http://printemps-baillarguet.e-monsite.com/>



INRA
SCIENCE & IMPACT



Solutions from Nature

European Molecular Control Laboratory



Biodiversité
Agriculture
Alimentation
Environnement
Terre
Eau



Institut de recherche
pour le développement



Montpellier

Actes du Printemps de Baillarguet
8^{ème} édition
2 et 3 juin 2016
Montferrier-sur-Lez, France

Le comité d'organisation

Berthelot Edwige

Diagne Christophe

Hammami Pachka

Lesieur Vincent

Lies Adrien

Rombaut Antoine



© 2016, Comité d'organisation du Printemps de Baillarguet
Campus international de Baillarguet — 34980 Montferrier sur Lez (France)

E-mail : printemps_baillarguet@cirad.fr

URL : www.printemps-baillarguet.e-monsite.com

Version numérique : <http://agritrop.cirad.fr/580503/>

Cette oeuvre est sous licence Creative Commons. Vous êtes libre de reproduire, de modifier, de distribuer et de communiquer cette création au public selon les conditions suivantes :

- **ATTRIBUTION (BY)** : Toutes les licences Creative Commons obligent ceux qui utilisent vos oeuvres à vous créditer de la manière dont vous le demandez, sans pour autant suggérer que vous approuvez leur utilisation ou leur donner votre aval ou votre soutien ;
- **PAS D'UTILISATION COMMERCIALE (NC)** : Vous autorisez les autres à reproduire, à diffuser et (à moins que vous choisissiez 'Pas de Modification') à modifier votre oeuvre, pour toute utilisation autre que commerciale, à moins qu'ils obtiennent votre autorisation au préalable ;
- **PAS DE MODIFICATION (ND)** : Vous autorisez la reproduction et la diffusion uniquement de l'original de votre oeuvre. Si quelqu'un veut la modifier, il doit obtenir votre autorisation préalable.

Pas de restrictions complémentaires — Vous n'êtes pas autorisé à appliquer des conditions légales ou des mesures techniques qui restreindraient légalement autrui à utiliser l'Oeuvre dans les conditions décrites par la licence.

Table des matières

1 Les arthropodes : des monstres gentils aux dangereux ravageurs	1
L'évolution de la niche climatique des pucerons du genre <i>Cinara</i> et son importance dans les patrons de diversification	4
Dispositif expérimental pour évaluer l'impact du stress hydrique de la plante-hôte sur les paramètres démographiques de <i>Tetranychus urticae</i>	5
Recherche des facteurs à l'origine des contaminations de pruniers par le phytoplasme de l'Enroulement Chlorotique de l'Abricotier	6
Élaboration d'outils de diagnostic en vue d'identifier les principaux charançons ravageurs (<i>Ceutorhynchus sp.</i>) du colza et leurs parasitoïdes (Ichneumonidae, Braconidae, Eulophidae, Pteromalidae).	7
<i>Lepidapion argentatum</i> , agent de lutte potentiel sur le Genet de Montpellier, plante invasive en Australie et Californie	8
Influence conjointe de <i>Drosophila suzukii</i> et <i>D. melanogaster</i> sur le développement de la pourriture acide dans les vignes	9
2 Développement, adaptation et durabilité : le micmac biologique	11
Analyses transcriptomiques et invasions biologiques de deux espèces de rongeurs au Sénégal : quel rôle pour les gènes de l'immunité?	14
Analyse du transcriptome des variétés aromatiques équatoriennes de cacaoyer pour leur caractère de qualité	15
Exploring the chemical and biological effect of tannins in the stabilization of Mediterranean soil aggregates	17
Patch dynamics and temporal dispersal as principal drivers of species assembly	18
Innovations dans les dynamiques territoriales de développement à l'Ouest de la Bahia/ Brésil	19

Evaluation des réponses d'adaptation au changement climatique par les acteurs dans le secteur agricole.	20
Geo-engineering and underground carbon sequestration – A study on vegetated earthfills in France	21
3 Modélisation en biologie : et toi, tu simules ?	23
Analyse de l'effet de la chasse sur la présence des mammifères en Afrique Centrale.	26
A hierarchical bayesian model for measuring the extent of local adaptation from haplotype data	27
Conditions affecting the admixture proportions calculated by the software STRUCTURE	28
Influence des caractéristiques paysagères sur la dispersion et la gestion d'une épidémie chez les plantes	29
Optimisation dynamique de stratégies d'épidémiosurveillance végétale	30
4 Microorganismes et infections : ce n'est pas la taille qui compte	31
Caractérisation fonctionnelle du promoteur du Banana Streak Virus et étude de faisabilité d'un pathosystème BSV/hôte alternatif	34
Agroecological and evolutionary factors driving the success emergence of a non-canonical tomato yellow leaf curl virus recombinant	36
Effet d'un stress hydrique sur l'épidémiologie d'un virus non circulant, le Cauliflower mosaic virus et adaptation des plantes à la sécheresse	38
Phylogéographie de l' <i>hantavirus Puumala</i> en Europe	39
Permissiveness evaluation of wild and attenuated PPRV strains in mouse cells expressing INF-I and goat SLAM receptor	40
Evaluation of thermal stability and inactivation of local Peste des Petits Ruminants isolates cultivated in cell culture	41
Etude des bases moléculaires et cellulaires de la tolérance aux trypanosomoses chez les bovins par RNAseq	42
Evaluation du peptide tsgf1 comme biomarqueur d'exposition à <i>Glossina fuscipes</i> dans les foyers actifs de la Trypanosomose Humaine Africaine en Afrique centrale	43
5 Biologie des interactions : les bienfaits du vivre-ensemble	45
Étude de la résistance du riz à <i>Magnaporthe oryzae</i> : analyse structurale et fonctionnelle du complexe protéique RGA4-RGA5	50

TABLE DES MATIÈRES

Etude de la resistance du riz face à <i>Magnaporthe oryzae</i> : cas de l'interaction Pi-ta, Ptr, AVR-Pita	51
Association genetics to identify genes involved in aggressiveness traits in the plant pathogenic fungus <i>Mycosphaerella fijiensis</i> .	52
Etude des mécanismes de régulation de l'élongation des nodosités matures en fonction du statut azoté de la plante.	53
Intensification écologique de la nutrition azotée des cultures céréalières par inoculation de bactéries associatives fixatrices d'azote	54
La symbiose fixatrice d'azote <i>Casuarinaceae-Frankia</i> : isolement de souches d'Algérie et étude de l'activation de la voie de signalisation symbiotique	55
Capacités PGPR et MHB de <i>Bradyrhizobium</i> symbiotiques d' <i>Acacia spirorbis</i>	56
Optimisation des performances d'inocula de champignons mycorhiziens dans le cadre d'une agriculture à faible apport d'intrants	57
Analyse du transcriptome du champignon <i>Magnaporthe oryzae</i> et d'une bactérie du genre <i>Burkholderia</i> mis en confrontation <i>in vitro</i>	58
Hopanoids play an important role to optimize bacterial survival in both free-living and symbiotic states of <i>Bradyrhizobium</i> strains	59
Inoculation microbienne et application de coques d'arachide : des technologies novatrices pour améliorer la croissance des <i>Acacia</i> et la fertilité des sols salés au Sénégal	60
Dissection des mécanismes moléculaires de la symbiose Nod-indépendante T3SS-dépendante chez <i>Aeschynomene</i> : caractérisation d'effecteurs symbiotiques	62
Caractérisation biochimique du mutant <i>gltD</i> de la souche ORS285 de <i>Bradyrhizobium</i>	64
Session posters	65

Remerciements

Nous tenons à remercier chaleureusement ceux sans qui cet évènement n'aurait pas eu lieu. Merci à SupAgro, à l'Ecole Doctorale Sibaghe, aux UMR LSTM, CMAEE, BGPI, au labex Cemeb, aux départements BIOS et PER-SYST du Cirad et à l'EBCL pour leur participation financière. Merci au CBGP qui accueille l'évènement depuis plusieurs années. Merci à Loïc Fontaine (BGPI), Noel Richard (CMAEE), Sébastien Devidal (Ecotron) et Laurent Soldati (CBGP) pour nous avoir fait visiter les plateformes expérimentales du campus. Merci à Dominique Lagrenée (BGPI) pour avoir pris en charge la gestion du budget. Bravo et merci à notre super graphiste Caroline Tric pour son temps et ses réalisations. Enfin, un grand merci à tous les participants, à nos chairmen et à tous ceux qui nous ont apporté leur aide.

Le comité d'organisation

Berthelot Edwige

Diagne Christophe

Hammami Pachka

Lesieur Vincent

Lies Adrien

Rombaut Antoine

Session scientifique 1

Les arthropodes : des monstres gentils aux dangereux ravageurs

SESSION SCIENTIFIQUE 1. LES ARTHROPODES : DES MONSTRES GENTILS AUX DANGEREUX RAVAGEURS

Les insectes, voire les arthropodes plus largement (puisqu'il sera question aussi d'acariens dans cette session) entretiennent des liens très étroits et souvent très complexes avec le milieu qui les entoure et les autres organismes avec lesquels ils sont amenés à interagir. Plus de 350 millions d'année de vie commune ont façonné ce que nous observons aujourd'hui. En retour cela mérite bien un peu de temps, de patience et de persévérance pour tenter d'appréhender au mieux ces interactions multi-échelles (spatiales et temporelles) et multi-partenaires.

Les neuf exposés présentés dans cette session sont une belle illustration de cette complexité. On retiendra de l'exposé de Pierre Arnal (importance des niches écologiques dans la diversification d'un genre de pucerons) que l'adaptation à la plante hôte n'est pas le seul facteur de diversification possible des insectes. Deux exposés évoquent des interactions complexes entre trois partenaires, classiquement exploitées en lutte biologique, les interactions dites tritrophiques : ravageurs - parasitoïdes (= parasites d'insectes) - plante hôtes (Mélodie Ollivier : charançon-parasitoïdes-colza). La difficulté trop souvent rencontrée d'identifier les différents partenaires est soulignée dans l'exposé de Mélodie. L'utilisation d'outils diagnostiques moléculaires paraît une perspective prometteuse. Ghais Zriki évoque aussi cette question des interactions tritrophiques mais sous un angle plus rarement étudié : celui de l'impact de la physiologie de la plante hôte sur son cortège d'arthropodes (en l'occurrence des acariens phytophage, et des acariens prédateurs de ces mêmes phytophages). Deux exposés d'épidémiologie illustrent deux autres types d'interactions entre partenaires multiples. L'exposé d'Antoine Rombaut revient sur le cas de la mouche invasive *Drosophila suzukii*, démontrant comment des interactions entre différentes espèces d'insectes et des microorganismes (à l'origine d'une pourriture des fruits de raisin) peuvent être à l'origine d'une grave épidémie. L'exposé de Léa Merlet est un joli cas d'école d'une épidémie impliquant de nombreuses voies possibles de dissémination d'un phytopathogène (homme, vergers, milieu sauvage) et de la manière dont les différents acteurs d'une filière se sont emparés de cette problématique pour essayer de trouver une solution.

Nicolas Sauvion

L'évolution de la niche climatique des pucerons du genre *Cinara* et son importance dans les patrons de diversification

Pierre ARNAL^{1,*}, Emmanuelle JOUSSELIN¹, Andrea SANCHEZ-MESEGUER¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : pierrearnal34@gmail.com

Abstract Les pucerons du genre *Cinara* (Hemiptera : Aphididae : Lachninae) avec 250 espèces décrites, constituent le deuxième genre le plus diversifié au sein des pucerons. Une étude phylogénétique récente a montré et qu'il a émergé au début de l'Eocène (il y a environ 50 Ma) en Asie (Meseguer et al, 2015), en colonisant les conifères à partir d'un ancêtre associé à des espèces d'angiospermes. Plusieurs évènements de dispersion ont eu lieu de cette zone vers l'actuelle Amérique du nord entre le début de l'Oligocène (30Ma) et la première moitié du Miocène. À la fin du Miocène (il y a 10M d'années environ) on ne constate plus d'évènements de dispersion entre le Paléarctique et la zone Néarctique. L'isolement des faunes des deux continents s'est produit de façon répétée dans chacun des clades associés aux différents genres de conifères : *Pinus*, *Picea*, *Larix*, et *Juniperus*. Ceci est assez surprenant étant donné que les latitudes nord, permettant le passage de l'Asie vers l'Amérique, sont alors habitées par des forêts de conifères (Wolfe 1980 ; Wolfe et al. 1998). Ces résultats suggèrent que les patrons de diversification au sein du genre *Cinara* ne sont probablement pas seulement le résultat de leur adaptation aux plantes hôtes : des contraintes climatiques pourraient avoir limité leur capacité de dispersion et provoquer l'isolement des faunes Néarctiques et Paléarctiques. Lors de cette présentation, je présenterai justement le rôle de l'évolution de la niche climatique des pucerons dans la diversification de ces derniers.

Keywords : *Aphididae*, niche climatique, macroevolution, diversification, relations plantes/insectes

Dispositif expérimental pour évaluer l'impact du stress hydrique de la plante-hôte sur les paramètres démographiques de *Tetranychus urticae*

Ghais ZRIKI^{1,*}, Alain MIGEON¹, Philippe AUGER¹, Maria NAVAJAS¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : ghais.zriki@supagro.fr

Abstract Le réchauffement climatique devrait augmenter la fréquence et l'intensité des périodes de sécheresse ce qui entraînera une pression plus importante sur les ressources d'eau. Les conséquences du stress hydrique affectent directement les tissus végétaux et, indirectement, l'interaction entre les plantes et leurs parasites. Nous avons conçu un dispositif expérimental pour étudier l'effet des plantes stressées sur les paramètres biologiques de *Tetranychus urticae* élevé sur les haricots (*Phaseolus vulgaris*). Les plantes cultivées dans des pots de 2 litres, ont été reliées à un système d'irrigation goutte à goutte automatisé géré par des capteurs d'humidité du sol. Les plantes ont été soumises à deux régimes hydriques. L'intensité du stress hydrique sur les plantes a été évaluée par la mesure de la conductance stomatique journalière de 10 plantes de chaque traitement. Pour limiter les effets maternels, les acariens ont été élevés pendant une génération dans les mêmes conditions (plantes stressées et non stressées et à 25°C). L'infestation artificielle des feuilles avec un nombre fixé (10 par feuille) de femelles adultes (du même âge connu) a été réalisée sur la surface inférieure des feuilles cotylédonaire et les paramètres suivants ont été calculés : la fécondité, le temps de génération et le sex-ratio. Le dispositif expérimental décrit ici peut être adapté pour étudier les interactions tritrophiques entre les plantes les acariens phytophages et les acariens prédateurs *Phytoseiidae*.

Keywords : *Tetranychus urticae*, stress hydrique, *Phaseolus vulgaris*

Recherche des facteurs à l'origine des contaminations de pruniers par le phytoplasme de l'Enroulement Chlorotique de l'Abricotier

Léa MERLET^{1,*}, Nicolas SAUVION¹, Véronique MARIE-JEANNE¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : ma.merlet@orange.fr

Abstract L'Enroulement Chlorotique de l'Abricotier (ECA) est une bactériose endémique à l'Europe causée par un phytoplasme parasite du phloème. Celui-ci est disséminé par un vecteur volant, le psylle *Cacopsylla pruni*, qui transmet le phytoplasme en se nourrissant du phloème. L'ECA touche de nombreux *Prunus*, à la fois sauvages et cultivés (abricotiers, pruniers et pruniers japonais) chez qui elle cause un dépérissement incurable. Depuis quelques années de forts taux d'ECA observés sur de jeunes parcelles de prunier japonais ont conduit à une collaboration entre les différents acteurs de la filière prune et les organismes de recherche : INRA et SupAgro.

L'objectif de cette étude est de déterminer l'origine des fortes contaminations observées en vergers de production de prune. Pour répondre à cette question deux hypothèses sont étudiées : une contamination d'origine naturelle via le vecteur, et/ou une contamination d'origine humaine, par multiplication végétative.

Une approche de génétique des populations par génotypage du phytoplasme permettra tout d'abord de mettre en évidence d'éventuels flux de pathogène entre les différents compartiments du pathosystème (hôte sauvage, hôte cultivé, insecte vecteur). Ces informations seront croisées avec les résultats d'une enquête de traçabilité sur l'origine des plants des parcelles infectées.

Les premiers résultats suggèrent des contaminations à la fois d'origine naturelle et humaine pendant la production des plants. L'analyse des processus et dispositifs de production et de certification des plants de prunier, ainsi qu'un travail avec les pépiniéristes, permettra *in fine* la mise en place de mesures visant à sécuriser la production de plants vis-à-vis de l'ECA.

Keywords : Phytoplasme, vection entomophile, flux de gènes, analyse phylogénétique, enquête de terrain

Élaboration d'outils de diagnostic en vue d'identifier les principaux charançons ravageurs (*Ceutorhynchus* sp.) du colza et leurs parasitoïdes (Ichneumonidae, Braconidae, Eulophidae, Pteromalidae).

Mélodie OLLIVIER^{1,*}, Jean Claude STREITO¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : melodie.ollivier@wanadoo.fr

Abstract En France, la culture de colza est fortement dépendante des traitements insecticides (50% de l'IFT). Le principal levier pour réduire leur usage est l'assurance d'un diagnostic fiable qui éviterait les traitements injustifiés. La lutte biologique par conservation constitue une seconde alternative. Cependant, la littérature relatant des charançons ravageurs (*Ceutorhynchus* sp.) et de leurs parasitoïdes (Ichneumonidae, Braconidae, Eulophidae, Pteromalidae) est limitée et n'a pas été actualisée depuis 1960 (Jourdheuil, 1960). Le projet CASDAR ColeoTool a pour objectifs *i*) d'effectuer un inventaire des charançons et de leurs ennemis naturels inféodés au colza et *ii*) de développer des outils de diagnostic à la fois morphologiques et moléculaires assurant aux professionnels de la filière une identification facile et fiable de ces insectes. Les spécimens, piégés sur différentes stations expérimentales en France et élevés en laboratoire, sont déterminés au CBGP. Des clefs de détermination associées à des collections de référence sont élaborées. De plus, le séquençage du gène mitochondrial Co1 permet de fournir une base de données interrogeable via un BLAST. Une fois les outils opérationnels, ils seront employés sur le terrain afin de comparer le potentiel de régulation des charançons par les parasitoïdes dans différents contextes agronomiques et d'orienter les pratiques culturales en faveur de la lutte biologique par conservation.

Jourdheuil, P. 1960. Influence de quelques facteurs écologiques sur les fluctuations de population d'une biocénose parasitaire : étude relative à quelques hyménoptères (Ophioninae, Diapriinae, Euphorinae) parasites des divers coléoptères inféodés aux crucifères. *Annales de Epiphytologie* 11, 445-658

Keywords : Outils moléculaires, charançons, colza, parasitoïdes, lutte biologique

***Lepidapion argentatum*, agent de lutte potentiel sur le Genet de Montpellier, plante invasive en Australie et Californie**

Sandrine RAMLAKAN^{1,2,*}, René SFORZA¹, Thierry THOMANN²

1. European Biological Control Laboratory, USDA-ARS, Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France.

2. CSIRO Health & Biosecurity -European Laboratory, Campus International de Baillarguet, 34980 Montferrier sur-Lez, France

* Corresponding author : sandrine.ramlakan@gmail.com

Abstract Le genêt de Montpellier ou *Genista monspessullana* (Fabaceae) est originaire du bassin méditerranéen. Introduit pour des raisons horticoles en Australie et en Amérique du nord, principalement en Californie, il s'est propagé au cours du 20ème siècle impactant la biodiversité indigène. Un programme de lutte biologique classique, initié par le CSIRO, puis l'USDA, a pour vocation de rechercher et sélectionner les meilleurs agents de lutte pour envisager leur lâcher à terme dans la zone envahie. Depuis 2013, un charançon (*Lepidapion argentatum*, Col. Brentidae), à la fois galligène et granivore est à l'étude. En 2016 nous poursuivons les tests de spécificité sur les espèces non-cibles, tels que les lupins, en laboratoire et in situ ; nous démarrons également un test d'impact du *Lepidapion* sur trois ans et souhaitons améliorer les connaissances sur son cycle de vie.

Keywords : Lutte-biologique, *Genista*, *Lepidapion*, charançon, galle

Influence conjointe de *Drosophila suzukii* et *D. melanogaster* sur le développement de la pourriture acide dans les vignes

Antoine ROMBAUT^{1,*}, Simon FELLOUS¹, Patricia GIBERT²

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

2. Université de Lyon, UMR 5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, CNRS, Université Lyon 1, Université Claude Bernard, 43 Bd du 11 Novembre 1918, F-69622 Villeurbanne Cedex, France.

* Corresponding author : antoine.rombaut@supagro.inra.fr

Abstract *Drosophila suzukii*, a récemment envahi l'Europe et l'Amérique du Nord depuis l'Asie et pond dans de nombreux fruits. En 2014, un nombre important de *D. suzukii* a été observé dans les vignobles, de manière simultanée avec une épidémie de pourriture acide, une maladie des fruits de raisin causée par une communauté de microorganismes vectorisés entre autre par *D. melanogaster*. Afin de déterminer les rôles respectifs de *D. suzukii* et *D. melanogaster* dans l'étiologie de la pourriture acide, nous avons combiné observations sur le terrain, infections expérimentales et tests comportementaux. Nous avons trouvé une association entre présence de *D. suzukii* et de pourriture acide sur des grappes récoltées sur le terrain. Néanmoins les fortes infections étaient majoritairement liées à la présence de *D. melanogaster*. Au laboratoire, *D. suzukii* a provoqué le déclenchement de la maladie contrairement à *D. melanogaster* qui ne peut pondre sur fruit sain. La pourriture acide attirait fortement les femelles *D. melanogaster*, expliquant leur association sur le terrain. Ainsi, un scénario se dégage : *D. suzukii* attaque les fruits sains, déclenchant la maladie, qui par la suite attire *D. melanogaster* et induit une forte dégradation de la grappe. Ces travaux mettent donc en évidence comment des interactions entre différentes espèces d'insectes et des microorganismes peuvent déterminer l'épidémiologie d'une maladie de la vigne.

Keywords : *Drosophila suzukii*, épidémiologie, écologie

Session scientifique 2

Développement, adaptation et durabilité : le micmac biologique

SESSION SCIENTIFIQUE 2. DÉVELOPPEMENT, ADAPTATION ET DURABILITÉ : LE MICMAC BIOLOGIQUE

S'il est vrai que "l'ennui naquit un jour de l'uniformité" (Antoine Houdar de la Motte – Fables nouvelles, 1719) on ne va pas s'ennuyer dans cette session "Micmac biologique"! "Situation suspecte et compliquée", "désordre inextricable" sont les 2 définitions les plus régulièrement rencontrées du terme "micmac". La complexité du vivant fait presque de cette association "micmac biologique" un pléonasme, et cette session en est une bonne illustration. De même que la biodiversité s'entend à tous les niveaux d'intégration, du gène à l'écosystème, ainsi en va-t-il des facteurs explicatifs de sa mise en place, de son évolution et de son adaptation aux processus naturels et, plus récemment, aux changements globaux induits par les activités humaines.

Les sept exposés de cette session abordent en effet ces questions de développement, adaptation et durabilité dans les systèmes biologiques à des échelles très variées, sur des modèles très différents, et via des approches contrastées : Orianne Tournayre et Eduardo Morillo Velastegui utilisent des techniques de mise en évidence de l'expression génique pour, l'une, tester des hypothèses d'investissement différentiel entre réponses immunitaires plus ou moins coûteuses chez des rongeurs invasifs au Sénégal, l'autre, caractériser des gènes impliqués dans la qualité des fèves de différents clones de cacao impliquant une variété renommée d'Equateur. Amandine Erktan, Lucie Mahaut et Lorenzo Rossi développent quant à eux des approches écologiques : la première teste le rôle chimique et biologique des tannins dans la stabilisation des agrégats de sols par expérimentation, aboutissant à des résultats plutôt inattendus ; la seconde explore les paramètres potentiellement responsables de la diversité des mauvaises herbes dans les successions culturales, mettant en avant l'importance des facteurs temporels dans l'évolution de cette diversité ; le troisième étudie le rôle des remblais végétalisés dans des ouvrages de génie civil en tant que pièges à carbone en particulier, dans le cadre plus général de l'intérêt "multi-usages" de ce genre de structure (stabilisation des sols, barrière anti-vent / anti-bruit...). Enfin, les travaux de Cláudia de Souza et Baptiste Sion s'inscrivent quant à eux clairement dans une démarche éco-géographique et sociologique, pour *i*) analyser l'évolution des systèmes de production traditionnelle dans le Cerrado brésilien via l'étude de communautés rurales prises en tenaille entre aires protégées et zone de production agricole intensive (soja), *ii*) faire un bilan des démarches d'évaluation socio-économique de l'adaptation au changement climatique dans le secteur agricole, en vue de l'amélioration des procédures et la proposition de nouveaux outils faisant appel, entre autres, à la démarche participative.

Diversité est donc le maître mot de cette session, avec toutefois une préoccupation récurrente d'aborder des questions en relation avec de grands enjeux sociétaux d'actualité. Micmac donc, mais pas portnawak !

Laurent GRANJON

Analyses transcriptomiques et invasions biologiques de deux espèces de rongeurs au Sénégal : quel rôle pour les gènes de l'immunité ?

Orianne TOURNAYRE^{1,*}, Nathalie CHARBONNEL¹, Carine BROUAT¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

Abstract Les invasions biologiques sont une menace pour la biodiversité et la santé humaine. Comprendre les mécanismes qui expliquent ces invasions est un préalable indispensable à la définition de stratégies de contrôle et de prévention. Une hypothèse postule que chez les espèces envahissantes, il y aurait un avantage adaptatif à moduler l'investissement des ressources entre différentes voies immunitaires plus ou moins coûteuses. Le gain énergétique permettrait la ré-allocation de ressources vers des fonctions de croissance et/ou de reproduction favorables à l'expansion démographique. Nous avons analysé les variations d'expression de gènes de l'immunité dans des populations de souris domestiques *Mus musculus domesticus* et de rats noirs *Rattus rattus* réparties sur des gradients d'invasion au Sénégal. Pour chaque espèce, ces gènes ont été choisis sur la base des comparaisons de transcriptomes de populations (mélange des individus) situées sur le front d'invasion ou anciennement établies. Ils codent pour des protéines de l'immunité correspondant à des voies variées (humorale, inflammatoire par exemple). Nous avons vérifié l'expression différentielle des gènes candidats au niveau individuel par une méthode de PCR quantitative haut-débit. Ces analyses permettront de tester l'hypothèse d'un investissement accru en faveur de réponses immunitaires peu coûteuses sur le front d'invasion (ex humorales).

Keywords : Invasion biologique, immuno-écologie, rongeurs, expression génique

Analyse du transcriptome des variétés aromatiques équatoriennes de cacaoyer pour leur caractère de qualité

Eduardo MORILLO VELASTEGUI^{1,2,*}, Ivan GARZON¹, Xavier ARGOUT²

1. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS (INIAP). Ecuador.

2. UMR AGAP (Cirad, INRA, Montpellier SupAgro), Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes Méditerranéennes et Tropicales, F-34398 Montpellier, France.

* Corresponding author : eduardo.morillo@iniap.gob.ec ;
eduardo.morillo_velastegui@cirad.fr

Abstract Dans le marché mondial des cacaos fins, la production de l'Équateur avec la variété appelée "Nacional" est la plus importante. Cette variété native du pays est réputée par son goût et arôme floral dénommé "Arriba". Cette étude vise à caractériser les gènes exprimés dans les fèves de 5 clones commerciaux équatoriens hybrides Nacional et ayant des propriétés aromatiques variables. Pour cela, des analyses RNAseq ont été engagées à partir d'un pool de fèves récoltées après 18, 20 et 22 semaines après fécondation et 24H et 48H après fermentation. Les banques d'ADNc ont été séquencées sur séquenceur Hiseq ILLUMINA et les analyses bioinformatiques ont été conduites sur le génome de référence Criollo B9761/B2¹. Les analyses d'expression ont permis d'identifier un ensemble des gènes exprimés dans chacune des conditions et de quantifier l'expression de gènes impliqués dans les voies de biosynthèse des terpénoides et des composés phénoliques, composés biochimiques importants dans la qualité des fèves (Sabau, com.pers²). L'analyse a également permis de préciser l'expression de gènes précédemment analysés par macroarray (Sabau, com. pers²). Par ailleurs, les analyses d'expression différentielle réalisée avec des logiciels telles que Cufflinks et EdgeR, n'ont pas permis d'atteindre une résolution suffisamment importante pour identifier des différentiels d'expression associés à ces voies de biosynthèse, suggérant la nécessité de compléter l'étude en incluant d'autres variétés contrastantes et des répliques biologiques.

1. Argout, X., Salse, J., Aury, J. M., Guiltinan, M. J., Droc, G., Gouzy, J., ... & Abrouk, M. (2011). The genome of *Theobroma cacao*. *Nature genetics*, 43(2), 101-108.

2. Sabau. Microarray : high throughput screening for expression of genes involved in different biosynthetic pathway during cocoa seed development and fermentation (Unpublished document).

Keywords : Cacaoyer, variété Nacional, RNAseq, expression différentielle

Exploring the chemical and biological effect of tannins in the stabilization of Mediterranean soil aggregates

Amandine ERKTAN^{1,*}, Alexia STOKES¹, François MUNOZ^{1,2}

1. UMR AMAP (CIRAD, CNRS, INRA, IRD, Université de Montpellier),
Montferrier-sur-Lez, France.

2. French Institute of Pondicherry, Ecology, 11 St Louis Street, Pondicherry,
605001, India.

* Corresponding author : amandine.erkтан@cirad.fr

Abstract Soil aggregates are organomineral associations with a fundamental importance in soil structure and functioning. Our aim is to explore the role of tannins in the stabilization of Mediterranean soil aggregates. We hypothesize that tannins influence soil aggregate stability thanks to their chemical property to complex proteins and their biological properties to inhibit microbial activities. We inoculated Mediterranean soil aggregates with condensed tannins, alone or in association with a standard protein (bovine serum albumin) to enhance their chemical effect or with a polysaccharide (polygalacturonic acid) to enhance their biological effect. Variations in soil aggregate stability were tracked by repeated measures : immediately after substrate addition, revealing their chemical effects and after 2 weeks, 3 and 6 months of incubation to account for microbial modulations. Unexpectedly, we found no effect of tannins, neither immediately nor over time. By contrast, polysaccharide and protein had a significant stabilizing role, mainly through increasing aggregates hydrophobicity. Over time, microbial modulation tended to decrease this initial positive effect. In some cases, tannins modulated the effect of protein and polysaccharide, respectively positively and negatively. Overall, tannins showed very limited chemical and biological effect on soil aggregate stabilization, while protein and polysaccharides significantly enhanced soil stability, mainly through immediate chemical effects.

Keywords : Soil structure, organic matter, biogeochemistry, mediterranean soils, ecological succession

Patch dynamics and temporal dispersal as principal drivers of species assembly

Lucie MAHAUT^{1,2,*}, Sabrina GABA¹ Guillaume FRIED²

1. UMR Agroécologie (INRA, AgroSup Dijon, Université de Bourgogne, CHU, CNRS), F-21065 Dijon Cedex, France.

2. Anses, Laboratoire de la Santé des Végétaux, Montferrier-sur-Lez cedex, France.

* Corresponding author : lucie.mahaut@dijon.inra.fr

Abstract The metacommunity framework explores the relative influence of local and regional-scale processes in generating diversity patterns. In meta-community dynamics, spatial dispersal is a key process to maintain diversity in complex community networks. However, organisms may also be subjected to temporal dispersal, particularly plants with dormant seeds. Moreover, most metacommunity models assume spatial environmental heterogeneity, ignoring the temporal dynamics of habitats albeit it can be important for organisms living in ephemeral habitats. Here, we explored the ability of patch-dynamics, species-sorting, mass-effects, and neutral metacommunity models to explain empirical patterns of temporal changes in weed community composition (*temporal beta-diversity*). We hypothesized that weed community assembly would be strongly affected by patch dynamics because of temporal variations of weed habitat availability and quality created by the crop succession. We calculated temporal weed beta-diversity indices and quantified the importance of crop sowing dates (i.e. a proxy of patch availability), annual environmental conditions and their temporal heterogeneity between two annual communities, and temporal distance using linear mixed models. We found that temporal weed beta-diversity was mainly explained by crop sowing date differences and temporal heterogeneity of environmental conditions. By comparing herbicides sprayed plots and plots without herbicides, we also revealed an effect of temporal distance. These results suggest that patch-dynamics and temporal mass effect from the seed bank compartment are important in structuring weed communities at the field scale. Overall, our study reveals the importance of considering both temporal dispersal and temporal variation of environmental conditions when investigating processes generating diversity patterns in ephemeral habitats.

Keywords : Ephemeral habitat, temporal beta diversity, crop sequence, temporal environmental heterogeneity

Innovations dans les dynamiques territoriales de développement à l'Ouest de la Bahia/ Brésil

Cláudia de SOUZA^{1,*}, Claire CERDAN¹

1. UMR Innovation (CIRAD, INRA, Montpellier Supagro), Montferrier-sur-Lez, France.

* Corresponding author : sclaudias@gmail.com

Abstract Le travail présente une synthèse des résultats de la thèse de doctorat qui porte sur le développement à l'Ouest de la Bahia, au niveau d'une savane, le Cerrado brésilien. Cette région est le cœur de nombreux conflits et de synergies entre modèles de production pour l'utilisation des ressources naturelles et ressources hydriques. Région sèche, l'accès aux ressources en eau est un enjeu important pour le développement des agricultures familiales et l'agrobusiness. La présence d'unités de production de grains à grande échelle modifie également les rapports entre les principaux acteurs du territoire. Ecosystème fragile, la région a vu également se multiplier des réserves naturelles mises en place pour limiter l'avancée des grandes cultures dans la région et préserver une partie du biome Savane. Notre thèse s'intéresse à deux communautés rurales qui se trouvent "coincées" entre un Parc national (Refúgio de Vida Silvestre (RVS) Veredas do Oeste Baiano) et de grandes exploitations agricoles de production de grains (soja). Les agricultures familiales se caractérisent par une activité de polyculture élevage essentiellement vouée à l'autoconsommation. L'objectif de la recherche est la compréhension de la reconfiguration des systèmes productifs traditionnels dans le Cerrado, sous les contraintes de manque de terre et du main d'oeuvre, ainsi que les restrictions environnementales. Ce travail a bénéficié du soutien de la Capes, de l'Embrapa et de la Fondation Agropolis à travers un programme de financement franco-brésilien (appel à proposition tripartite AF-Brésil CfP 2014-02).

Keywords : Innovation, agriculteurs, coexistence, conservation de la nature, agricultures familiales

Evaluation des réponses d'adaptation au changement climatique par les acteurs dans le secteur agricole.

Baptiste SION^{1,*}, Abigail FALLOT¹, Martine ANTONA¹, Françoise GÉRARD¹

1. CIRAD, UR Green, F-34398 Montpellier, France

* Corresponding author : baptiste.sion@cirad.fr

Abstract Dans un contexte de controverses sur les formes que doit prendre l'adaptation au changement climatique, le projet Eval4A (Evaluation d'Accompagnement par les Acteurs de l'adaptation dans l'Agriculture) vise à mettre au point une démarche d'évaluation socio-économique des réponses d'adaptation par les acteurs de ces réponses, au fur et à mesure de leur mise en œuvre. Ici, l'objectif est de présenter une première phase du projet qui vise à repérer, dans la littérature, des démarches d'évaluation socio-économique de l'adaptation et à proposer des améliorations.

La proposition d'améliorations rendra compte de caractéristiques spécifiques au changement climatique (incertitude, temps long, irréversibilité...) et de la diversité des points de vue quand il s'agit de s'y adapter^{1,2}. Ce travail s'inscrit également dans la volonté de démontrer qu'une évaluation participative de l'adaptation, au service des acteurs locaux, peut être réalisée.

Les premiers résultats montrent que la littérature a déjà mis en avant les limites de l'application des méthodes traditionnelles d'évaluation des projets de développement dans le cadre de l'adaptation et que d'autres outils, mieux adaptés, peuvent être proposés^{3,4}. Mais des améliorations restent à trouver afin de proposer une approche plus systématique d'évaluation participative de l'adaptation. L'objectif suivant sera d'appliquer les améliorations proposées à un cas d'étude afin de les tester empiriquement.

Keywords : Adaptation, changement climatique, évaluation, agriculture, acteurs locaux

1. Tschakert, P. (2007). Views from the vulnerable : Understanding climatic and other stressors in the Sahel. *Global Environmental Change*, 17(3-4), 381–396.

2. Brockhaus, M., Djoudi, H., & Locatelli, B. (2013). Envisioning the future and learning from the past : Adapting to a changing environment in northern Mali. *Environmental Science and Policy*, 25, 94–106.

3. World Bank. (2009). Guidance note 7 : Evaluating Adaptation via Economic Analysis. In *Mainstreaming Adaptation to Climate Change in Agriculture and Natural Resources Management Projects*.

4. Berger, R., & Chambwera, M. (2010). Beyond cost-benefit : developing a complete toolkit for adaptation decisions. IIED Briefing Note. Published by IIED, London.

Geo-engineering and underground carbon sequestration – A study on vegetated earthfills in France

Lorenzo MW ROSSI^{1,*}, Alexia STOKES¹, Zhun MAO²

1. UMR AMAP (CIRAD, CNRS, INRA, IRD, Université de Montpellier),
Montferrier-sur-Lez, France.

2. IRSTEA, UR EMGR, 38402 Saint-Martin-d'Hères Cedex, France, Université Grenoble Alpes (UGA), 38402 Grenoble, France.

* Corresponding author : lmw.rossi@gmail.com

Abstract A new challenge in engineering practices is to develop and understand technologies that can produce positive environmental externalities with minimal additional costs and without decreasing their functionality. In this framework, an important role is represented by the use of vegetation for engineering infrastructures and its ability to subtract CO₂ from the atmosphere and store it in different soil/organic compounds. However, the processes of carbon transfer and fixation in the underground system of plants are not well-understood yet, even if they are considered one of the most important carbon sinks, especially soil organic carbon (SOC). In this regard, the role of root exudates and other underground vegetation secretions (mucilage, epidermal cells, senescence-derived compounds) is still unclear. This study aims to investigate the use of vegetated earthfills in engineering structures, such as roads and railroads, to understand their role in sequester carbon from the atmosphere by storing it in different soil/organic compound, and combine it with practical, natural geo-engineering needs for designs of earthfills (slope stability, erosion control, wind/sound barrier). The desired outcome is a work that could shed light on the underground carbon fixing processes together with an instrument for decision making for engineers and project designers.

Keywords : Carbon storage, natural geo-engineering, earthfills, root exudates

Session scientifique 3

Modélisation en biologie : et toi,
tu simules ?

SESSION SCIENTIFIQUE 3. MODÉLISATION EN BIOLOGIE : ET TOI, TU SIMULES ?

Les modèles qu'ils soient statistiques, mathématiques ou informatiques, sont des outils indispensables dans les disciplines telles que l'écologie, la biologie évolutive ou l'épidémiologie qui s'intéressent à des phénomènes difficilement observables et à des processus impossibles à reproduire expérimentalement. Ainsi les modèles sont dans ces disciplines indispensables pour comprendre les processus à l'œuvre, estimer les paramètres associés et prédire les phénomènes qui en découlent. Lors de la session, un large éventail de modèles, plus élégants les uns que les autres, défileront sur le podium du printemps de Baillarguet. Ces modèles illustreront la diversité des outils de modélisation et de leurs fonctions dans la démarche scientifique.

Dans le désordre, l'exposé de Clément Hardy vous montrera comment les modèles d'espaces-états appliqués à des données issues de pièges photographiques permettent d'estimer simultanément l'abondance de mammifères difficilement observables et les paramètres qui gouvernent leur détection par le dispositif de piégeage. Reynald Havard vous présentera la formalisation, sous la forme de modèles épidémiologiques compartimentaux, des processus épidémiologiques qui gouvernent la dynamique de maladies touchant les plantes et l'utilisation de cette formalisation pour prédire l'efficacité de stratégies de surveillance alternatives de ces maladies. Coralie Picard vous initiera à l'utilisation du même type de modèle pour prédire les stratégies de gestion du paysage qui permettraient de réduire l'impact de la maladie de la sharka sur les arbres fruitiers du genre *Prunus*. Valentin Hivert vous montrera que les modèles bayésiens hiérarchiques sont capables de caractériser les phénomènes de sélection à partir des vastes jeux de données obtenus par les techniques de génotypage à l'échelle du génome. Enfin Ken Toyama apportera un bémol bien nécessaire à cette session à la gloire de la modélisation en questionnant les capacités du logiciel de modélisation de données de génétique des populations STRUCTURE à caractériser les structures génétiques au sein de zones hybrides.

Ces présentations vous convaincront que la modélisation est un outil bien plus puissant que la boule de cristal. Parions que votre intérêt ne sera pas simulé!!!!

Vladimir Grosbois

Analyse de l'effet de la chasse sur la présence des mammifères en Afrique Centrale.

Clément HARDY^{1,*}, Vladimir GROSBOIS¹, Nicolas GAIDET-DRAPIER¹

1. CIRAD, UPR Animal and Integrated Risk Management (AGIRs), Campus International Baillarguet F-34398 Montpellier, France.

* Corresponding author : clement.hardy@cirad.fr

Abstract Dans un contexte d'érosion globale de la biodiversité, la surexploitation des espèces animales par la chasse est à la fois un enjeu majeur et une problématique complexe. En Afrique, la récolte de la "Viande de Brousse" est réalisée par des populations rurales qui ne possèdent souvent pas d'autres alternatives économiques^{1,2}. Un programme de recherche a été mis en place, dans le cadre d'un projet de la FAO en Afrique centrale, pour caractériser les pratiques de chasse villageoise et évaluer leur impact sur la faune locale. Des pièges photographiques ont été déployés sur une période d'environ 3 mois au Gabon, au Congo et en RDC afin d'estimer la probabilité d'occurrence des espèces de vertébrés terrestres. Des modèles d'occurrence³ sont utilisés afin d'évaluer le lien entre la pression de chasse, des variables environnementales, et la probabilité de présence d'espèces chassées telles que le céphalophe bleu (*Cephalophus monticola*). Cette étude a pour objectif final d'éclairer les rapports entre humains et faune sauvage dans ces milieux à haute richesse spécifique, et de donner des pistes pour évaluer les conditions dans lesquelles une exploitation durable de la faune par les populations locales est envisageable.

Keywords : Afrique, Viande de brousse, modélisation, occupation, détection

1. Milner-Gulland, E. J. & Bennett, E. L. Wild meat : the bigger picture. Trends Ecol. Evol. 18, 351–357 (2003)

2. Fa, J. E., Currie, D. & Meeuwig, J. Bushmeat and food security in the Congo Basin : linkages between wildlife and people's future. Environ. Conserv. 30, 71–78 (2003)

3. Occupancy Estimation and Modeling, 1st Edition | Darryl MacKenzie, James Nichols, J. Royle, Kenneth Pollock, Leslie Bailey, James Hines | ISBN 9780120887668

A hierarchical bayesian model for measuring the extent of local adaptation from haplotype data

Valentin HIVERT^{1,*}, Mathieu GAUTIER¹, Renaud VITALIS¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : valentin.hivert@supagro.inra.fr

Abstract The recent advent of high throughput sequencing and genotyping technologies (Next Generation Sequencing, NGS) enables the comparison of polymorphisms patterns at a very large number of markers, which makes it possible to characterize genomic regions involved in the adaptation of organisms to their environment. Here, we present some recent developments to SelEstim¹, a hierarchical bayesian model that identifies and measures genomic signatures of selection from gene frequency data. In particular, we extend the model to analyze multi-allelic markers. This allows to use haplotype data, defined by means of unsupervised classification methods², considering haplotype blocks as multi-allelic markers. We expect that such approach makes more use of linkage disequilibrium information across individual markers, than using SNP data. We will show some analyzes conducted on simulated data, comparing the information brought by haplotype data relatively to analyzes using SNP data alone. Finally, we apply SelEstim on human data, showing evidence of selection acting on the lactase gene. We will also discuss some potential extensions of this method, that would allow to test for correlations between haplotype frequencies and environmental variables, which could ultimately be used to predict the potential of evolution for some particular populations (e.g., in the context of invasion dynamics).

Keywords : Population genomics, statistical inference, adaptation genetics, Next Generation Sequencing (NGS), modeling

1. Vitalis, R., M. Gautier, K.J. Dawson, and M.A. Beaumont, 2014 Detecting and Measuring Selection from Gene Frequency Data. *Genetics* 196 : 799-817

2. Scheet, P., and M. Stephens 2006 A fast and flexible statistical model for large-scale population genotype data : applications to inferring missing genotypes and haplotypic phase. *American journal of human genetics* 78 : 629-644

Conditions affecting the admixture proportions calculated by the software STRUCTURE

Ken S TOYAMA^{1,*}, Raphaël LEBLOIS¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : ken.toyama@evobio.eu

Abstract The main goals of population genetics across the years have been to describe the genetic structure of populations and the additional phenomena that can be found given certain conditions. To accomplish these goals, specialized software have been developed to perform the otherwise impossible calculations needed in order to obtain reliable results. Among these specialized software, STRUCTURE is probably the most commonly utilized for population structure determination, as well as hybrid identification, hybrid zone detection, admixture and introgression cases. However, a certain lack of reliability in the use of STRUCTURE has been evidenced by various studies^{1, 2, 3} for clustering analysis under a no-admixture model given certain conditions, questioning the results of past studies that have used this software. In contrast, much less attention has been put in measuring the ability of STRUCTURE to determine the admixture proportions of hybrid populations, its reliability being still unknown. In this study, the scenarios for which STRUCTURE might give biased results are described, as well as the conditions that could relieve these inaccurate results.

Keywords : Admixture proportions, clustering, hybridization, population genetics

1. Kalinowski ST. (2011). The computer program STRUCTURE does not reliably identify the main genetic clusters within species : simulations and implications for human population structure. *Heredity* 106(4) : 625-632.

2. Latch EK & Rhodes OE. (2006). Evidence for bias in estimates of local genetic structure due to sampling scheme. *Animal Conservation* 9(3) : 308-315.

3. Puechmaille SJ. (2016). The program STRUCTURE does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven : sub-sampling and new estimators alleviate the problem. *Molecular Ecology Resources*. doi : 10.1111/1755-0998.12512

Influence des caractéristiques paysagères sur la dispersion et la gestion d'une épidémie chez les plantes

Coralie PICARD^{1,*}, Emmanuel JACQUOT¹, Gaël THEBAUD¹, Samuel SOUBEYRAND²

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. INRA, UR 546 Biostatistics and Spatial Processes, 84914 Avignon Cedex 9, France

* Corresponding author : coralie.picard@supagro.inra.fr

Abstract De nombreuses études ont utilisé la modélisation pour comprendre la dynamique des maladies, prédire les épidémies et améliorer les stratégies de gestion. Un modèle stochastique SEIR (susceptible – exposed – infectious – removed) permettant de simuler la dispersion d'une épidémie dans un paysage a été utilisé pour optimiser la gestion de la sharka (cette maladie virale transmise par pucerons est causée par le *Plum pox virus* ; elle touche différentes espèces d'arbres du genre *Prunus*). Ce modèle prend en compte des paramètres épidémiologiques et de gestion pour prédire la productivité d'un paysage principalement composé de vergers de pêcheurs. Il a notamment permis de démontrer que la stratégie de gestion actuelle préserve la productivité, et d'identifier des stratégies de gestion moins coûteuses sur un paysage fixe. Néanmoins, le paysage peut influencer la dynamique d'une épidémie. Dans ce contexte, nous souhaitons optimiser la stratégie de gestion de la sharka en considérant des caractéristiques paysagères. Pour cela, une approche *in silico* qui prédit l'influence de caractéristiques du paysage sur les dommages engendrés par la maladie a été développée. Des paysages avec 3 niveaux d'agrégation des parcelles ont été simulés en utilisant un algorithme de tessellation en T. Des simulations de la dispersion et de la gestion de la sharka ont été réalisées dans ces différents paysages et ont montré qu'avec la stratégie de gestion actuelle, les paysages les moins agrégés sont les plus productifs. De plus, des analyses de sensibilité ont permis d'évaluer l'influence relative des paramètres épidémiologiques et de gestion en fonction des caractéristiques paysagères.

Keywords : Modèle spatio temporel, SEIR, optimisation, paysage

Optimisation dynamique de stratégies d'épidémiosurveillance végétale

Reynald HAVARD^{1,*}, François BONNOT¹, Gaël THEBAUD¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : reynald.havard@eleves.ec-nantes.fr

Abstract Dans le cadre de l'épidémiosurveillance des maladies des plantes, plusieurs méthodes statistiques ont été utilisées. En particulier, des modèles stochastiques à états discrets de type SEIR (susceptible – exposed – infectious – removed) ont été utilisés pour simuler la propagation de maladies au cours du temps et ainsi tester *in silico* des stratégies d'épidémiosurveillance.

Mon premier objectif est d'élaborer un modèle SEIR où chaque individu est un arbre, où la maladie est introduite aléatoirement et où la probabilité d'infection des arbres sains dépend de leur distance avec les arbres infectieux. Dans un deuxième temps, je testerai différentes méthodes d'échantillonnage et d'estimation de paramètres épidémiologiques : durée de latence, fonction de dispersion, lieu d'introduction de la maladie dans la parcelle, probabilité de détection des arbres malades. *In fine*, l'application de cette approche à des jeux de données collectés sur des maladies des plantes devrait permettre d'améliorer les stratégies actuelles d'épidémiosurveillance.

Keywords : Échantillonnage, épidémies, estimateurs, modélisation, surveillance

Session scientifique 4

Microorganismes et infections : ce n'est pas la taille qui compte

SESSION SCIENTIFIQUE 4. MICROORGANISMES ET INFECTIONS : CE N'EST PAS LA TAILLE QUI COMPTE

Les microorganismes infectieux ont un énorme impact sur la santé humaine, animale, et végétale, et donc, sur l'économie globale et le développement durable. De par leur importance, de nombreux projets de recherche ayant cours à Baillarguet se focalisent sur ces pathogènes. Ces projets incluent une grande diversité de disciplines, et cette diversité est bien représentée dans cette session.

Plusieurs exposés offerts à nous se concentrent sur des études moléculaires et cellulaires des interactions hôtes-pathogènes. Tiffany Bonnefois (sur les mycoplasmes) et Emilie Dama (glossines-trypanosomes) nous parlent du développement de nouvelles approches moléculaires pour étudier la dynamique d'infection et de transmission de pathogènes. De son côté, Juliana Comerlato propose une étude sur l'effet des interférons de type I sur la capacité du virus de la peste des petits ruminants à se répliquer en culture cellulaire. Sur le même virus, Asma Latif évalue l'effet d'extrême chaleur et de radiation ultraviolette sur la stabilité thermique du virus dans des cultures cellulaires. Côté pathogènes de plantes, Anne-Sophie Masson caractérise le promoteur du virus de la striure du bananier et tente de transférer le virus sur deux espèces de plantes modèles. Zineb Belabess nous parle d'une souche recombinante du virus des feuilles jaunes en cuillère de la tomate et des facteurs influençant son émergence au Maroc. D'autres exposants présentent des travaux utilisant des données de séquençage pour étudier l'évolution et la propagation géographique de l'hantavirus *Puumala* en Europe (Tracy Paradis), ou encore les bases moléculaires de la tolérance de certaines races bovines à la trypanosomiase (Moana Peylhard). En épidémiologie, Sandy Berges évalue les effets délétères ou bénéfiques de l'infection par le cauliflower mosaïc virus sur les plantes soumises à un stress hydrique sévère.

Arnaud Bataille

Caractérisation fonctionnelle du promoteur du Banana Streak Virus et étude de faisabilité d'un pathosystème BSV/hôte alternatif

Anne-Sophie MASSON^{1,*}, Matthieu CHABANNES¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : anne-sophie.masson@cirad.fr

Abstract La culture du bananier est soumise à plusieurs contraintes biotiques dont la maladie de la mosaïque en tirets (*Banana streak disease*) qui est provoquée par le *Banana streak virus* (BSV), un pararétrovirus à ADN db de la famille des *Caulimoviridae* et du genre des *Badnavirus*¹. La recrudescence de la maladie observée ces dernières années dans le monde² est majoritairement liée à la présence de séquences BSV infectieuses intégrées au génome de certains bananiers et qui, sous l'action de stress abiotiques sont capables de reconstituer des particules virales fonctionnelles³. Le BSV est donc rapidement devenu la contrainte majeure des programmes de sélection et d'amélioration des bananiers et des échanges de germoplasmes. Pourtant, la biologie de ce virus reste très mal connue car le travail sur bananier est contraignant et les outils sont limités. Comprendre comment fonctionne ce virus s'avère néanmoins incontournable si l'on veut mettre en place une lutte efficace. Il y a donc un intérêt à essayer de transférer le BSV sur des espèces modèles telles qu'*A. thaliana* ou *N. Benthamiana*. Au cours de mon stage, j'ai tout d'abord vérifié que le promoteur du BSV fonctionnait chez ces deux dicotylédones. Je réalise désormais une caractérisation fonctionnelle du promoteur en déterminant les régions minimales et essentielles à son activité et en étudiant l'expression tissulaire du promoteur viral. En parallèle, nous essayons d'infecter *N. benthamiana* par transformations transitoires d'un clone BSV infectieux et des mutants d'*A. thaliana* impactés à différents niveaux dans la voie épigénétique par transformations stables. Les premiers résultats d'expression du promoteur viral chez les deux plantes hôtes et la mise en évidence de transcrits viraux par RT-PCR chez *N. benthamiana* montrent

1. Harper G, Hull R (1998) Cloning and Sequence Analysis of Banana Streak Virus DNA. *Virus Genes* 17 : 271–278

2. Kumar PL, Selvarajan R, Iskra-Caruana M-L, Chabannes M, Hanna R (2015) Biology, Etiology, and Control of Virus Diseases of Banana and Plantain. *Adv. Virus Res.* Elsevier, pp 229–269

3. Chabannes M, Iskra-Caruana M-L (2013) Endogenous pararetroviruses — a reservoir of virus infection in plants. *Current Opinion in Virology* 3 : 615–620

SESSION SCIENTIFIQUE 4. MICROORGANISMES ET INFECTIONS :
CE N'EST PAS LA TAILLE QUI COMPTE

que de tels pathosystèmes alternatifs sont envisageables et représentent des perspectives intéressantes pour appréhender la biologie de ce virus.

Keywords : *Banana streak virus*, promoteur, *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana benthamiana*

Agroecological and evolutionary factors driving the success emergence of a non-canonical tomato yellow leaf curl virus recombinant

Zined BELABESS^{1,2,3,*1,*}, M. Peterschmitt¹, M. Granier¹, A. Tahiri², A. Blenzer³ & C. Urbino¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. Ecole Nationale d'Agriculture de Meknès, BPS 40, Meknès, Morocco

3. Faculté des Sciences de Meknès BP 11201, Avenue Zitoune, Meknès, Morocco (belabess.zineb@gmail.com)

* Corresponding author : belabess.zineb@gmail.com

Abstract

Background & Objectives TYLCV-IS76 (IS76) is a peculiar recombinant from Morocco generated between representatives of the Israel strain of Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV-IL) and the Spanish strain of Tomato yellow leaf curl Sardinia virus (TYLCSV-ES). Unlike the previously reported TYLCV/TYLCSV recombinants, IS76 has a non-canonical recombination profile and has entirely displaced its parental viruses in the Souss (Southern Morocco), possibly because of its positive selection by tomato cultivars bearing the Ty-1 tolerant gene¹. This prediction was tested under laboratory conditions.

Materials & Methods The fitness of IS76 was estimated in a Ty-1 tolerant cultivar, and in a susceptible nearly isogenic line, in single or mixed infections with parental viruses TYLCV-IL and TYLCSV-ES. Viral DNA intra plant accumulation was measured with real time PCR (qPCR) and used as a proxy of fitness. An artificial TYLCV-IS76 recombinant (IS76') was constructed by site-directed mutagenesis to analyze the molecular determinant of the potential fitness advantage.

Results IS76 DNA accumulation was significantly higher than that of TYLCV-IL and TYLCSV-ES in the tolerant cultivar, both in single or mixed infections. The fitness advantage of IS76 in the tolerant plants did not pay any accumulation cost in the susceptible plants in which IS76 accumulation

1. Belabess *et al.*, Virology, (2015), 486, p.291–306

was similar or higher than that of both parental viruses. Interestingly the IS76 selective advantage was associated with a dramatic negative impact on TYLCV-IL accumulation, which was shown to be determined by the recombination nature of IS76.

Conclusions Our results support the positive selection of IS76 by the Ty-1 gene and validate the selective hypothesis to explain its emergence and the entire displacement of its parents in the Souss. It is expected that the fitness advantage of IS76 may involve gene silencing because the Ty-1 gene codes for an RdRp¹ and because the short TYLCV derived region of IS76 is located in a region which has been reported for two begomoviruses to be one of the favored target of siRNA and methylation².

Keywords : Emergence, recombination, BEAST, qPCR, mutagenesis

1. Butterbach *et al.*, PNAS, (2014), 111, p.12942-12947

2. Yadav *et al.*, (2009), Virus Research, 144, p. 89-95

Effet d'un stress hydrique sur l'épidémiologie d'un virus non circulant, le Cauliflower mosaic virus et adaptation des plantes à la sécheresse

Sandy BERGES^{1,2,*}, Dr Denis VILE², Dr Manuella VAN MUNSTER¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. UMR LEPSE (Inra, Montpellier SupAgro), Laboratoire d'Ecophysiologie des Plantes sous Stress Environnementaux, F-34060, Montpellier, France.

* Corresponding author : sandy.berges@supagro.inra.fr

Abstract La production agricole et le fonctionnement des écosystèmes sont fréquemment contraints par des épisodes de sécheresse dont la fréquence et la durée devraient augmenter sous l'influence des changements climatiques. Les recherches en agronomie doivent permettre de proposer une évolution des pratiques agricoles et de gestion durable des écosystèmes dans un contexte de limitation des ressources en eau. Les interactions entre les plantes, leurs cortèges de pathogènes, de symbiotes, de vecteurs et de l'environnement abiotique sont encore trop peu intégrés à ces recherches. A ce jour, 900 phytovirus ont été décrits, infectant environ 70% des plantes et générant des pertes majeures de productivité. Outre l'impact négatif des virus sur leurs plantes hôtes, un aspect inattendu mais convergent de ces virus, émerge d'après la littérature et des résultats préliminaires effectués à BGPI (par Manuella Van Munster). Dans certains cas, une infection virale pourrait être bénéfique, en améliorant la tolérance des plantes à des stress abiotiques comme un déficit en eau. Dans d'autres cas, la transmission virale serait plus importante en contexte de sécheresse. Ces résultats pourraient être en lien avec la grande réactivité des phytovirus à percevoir et réagir (en termes d'efficacité de transmission et de virulence) en réponse à un déficit hydrique du sol.

Les buts du projet sont d'évaluer les paramètres épidémiologiques (efficacité de transmission, charge virale, virulence) et éco physiologiques de plantes infectées en conditions de stress hydrique sévère et d'analyser les effets délétères ou bénéfiques du CaMV dans ces conditions. Deux questions seront abordées : l'infection virale améliore-t-elle la tolérance des plantes à un stress hydrique sévère ? Quelles sont les conséquences d'un déficit hydrique sévère sur l'épidémiologie virale ?

Keywords : Interactions plantes-virus, écophysiologie, stress environnementaux, épidémiologie, transmission virale

Phylogéographie de l'*Hantavirus Puumala* en Europe

Tracy PARADIS^{1,*}, Guillaume CASTEL¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : paradistracy@hotmail.fr

Abstract L'*Hantavirus Puumala* (PUUV) a pour réservoir sauvage le campagnol roussâtre dispersé dans toute l'Europe. L'évolution des *Hantavirus* est marquée par une forte structure géographique. Cependant, l'histoire évolutive de PUUV est controversée et n'a été étudiée qu'à des échelles régionales, le plus souvent à partir de petits jeux de données. L'enjeu a ainsi été de reconstruire les phylogénies de ce virus à partir des plus grands jeux de séquences génomiques disponibles. Ces phylogénies ont ensuite servies de base pour étudier l'évolution du virus et sa propagation géographique au cours du temps en Europe. L'inférence des aires géographiques ancestrales (phylogéographie) a fait appel à des approches bayésiennes (logiciels BEAST et SPREAD) et à une méthode utilisant la parcimonie (logiciel Phylotype). L'étude s'est d'abord portée sur la dynamique évolutive du virus dans la globalité de l'Europe : la voie de propagation du virus de la Russie vers la Finlande est fortement supportée aussi bien par approche bayésienne que par maximum de parcimonie et la région Alpes-Adriatique (ALAD) semble être la porte d'entrée du virus en Europe de l'Ouest. L'échelle géographique a été ensuite reciblée au centre et à l'ouest de l'Europe : une propagation de la Belgique vers les forêts ardennaises françaises et de Cologne en Allemagne est trouvée et les souches de ces localités forment a priori une même sous-lignée. De plus, les souches semblent se structurer génétiquement en fonction des massifs forestiers où elles sont échantillonnées en relation avec un mode de transmission par contact entre rongeurs. Cependant certaines des transitions géographiques inférées par ces approches sont mal soutenues tant statistiquement que géographiquement. En effet, il reste de vastes localités européennes non-échantillonnées comme le Sud-Est de l'Europe afin de permettre une bonne compréhension de toutes les routes de propagation de ce virus en Europe.

Keywords : *Hantavirus Puumala*, phylogénie, phylogéographie, Europe

Permissiveness evaluation of wild and attenuated PPRV strains in mouse cells expressing INF-I and goat SLAM receptor

Juliana COMERLATO^{1,*}, Renata SERVAN¹, Cécile MINET¹, Emmanuel ALBINA¹

1. UMR CMAEE (CIRAD, INRA), Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes, Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : juliana.comerlato@cirad.fr

Abstract This study aimed to compare the behaviour of different Peste des Petits Ruminant virus (PPRV) strains in the 10T1/2 cell line, an embryonic fibroblastic mouse cell able to express IFN-I (α/β). The 10T1/2 cells, expressing or not the PPRV receptor (goat SLAM), were infected with attenuated and wild type PPRV. The synthesis of the messenger RNAs (mRNA) of the goat SLAM receptor and IFN α was quantified by RT-qPCRs. At different periods post infection the virus replication was measured by viral mRNA detection, observation of CPE and viral nucleoprotein expression. The vaccine strain was unable to complete the replication cycle either in cells expressing SLAM goat receptor. On the contrary, both cells were permissive to the wild PPRV, showing a complete replication cycle with typical PPRV CPE. The possible effect of IFN-I on virus replication was discarded. These results show that the 10T1/2 cells are only permissive to the wild PPRV and not to the vaccine strain and indicate that other host cell factor(s) than cell receptor and IFN-I may interfere in this phenomenon. This ongoing study will serve to improve the understanding on the virus-cell interaction of morbilliviruses.

Keywords : PPRV, morbillivirus, virus-cell interaction, IFN-1, SLAM goat

Evaluation of thermal stability and inactivation of local Peste des Petits Ruminants isolates cultivated in cell culture

Asma LATIF^{1,2,3,*}, Genevieve LIBEAU¹, Aamer Bin ZAHUR², Rabab ZAHRA³, Muhammad AFZAL⁴

1. UMR CMAEE (CIRAD, INRA), Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes, Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France.

2. National Agriculture Research centre, Islamabad, Pakistan.

3. Department of Microbiology, Quaid-i-Azam University, Islamabad, Pakistan.

4. Food and Agriculture Organization (FAO), Islamabad, Pakistan.

* Corresponding author : asmachudary@yahoo.com, asma.latif@cirad.fr

Abstract Peste des Petits Ruminants is a very contagious viral disease affecting large number of small ruminants predominantly goats and sheep. Vaccines are available for controlling this fatal disease but the efficacy of these vaccines depends upon the maintenance of cold chain in areas of extreme weather conditions. Uptil now, little is known about the stability of PPRV and its inactivation at different environmental conditions.

In the current study, thermal stability of seven cell culture derived PPRV isolates under different environmental temperatures and the ability of heat and UVC irradiation to inactivate PPRV were evaluated. To assess the thermal stability, aliquots of PPRV isolates incubated at 37°C were removed after every three hours while those incubated at RT and 4°C were removed every day and every two days respectively. To evaluate the sensitivity of extreme heat, aliquots were subjected to four increasing temperatures (56°C, 60°C, 62°C and 65°C) for different time intervals. To investigate the effects of UVC on PPRV infectivity, aliquots were subjected to UVC irradiation for three different time points. Tissue culture infective dose (TCID₅₀) of all the treated samples was calculated to determine the infectious titers using Vero cells.

The results of the current study reveals that thermal stability of PPRV may be influenced by high temperatures, extreme heat and UVC irradiation and selecting the suitable heat resistant PPRV isolates may be a good approach to develop a thermostable vaccine for PPR.

Keywords : PPR, thermal stability, cell culture

Etude des bases moléculaires et cellulaires de la tolérance aux trypanosomoses chez les bovins par RNAseq

Moana PEYLARD^{1,*}, Sophie THÉVENON¹, David BERTHIER¹

1. UMR INTERTRYP (CIRAD, IRD, Université de Bordeaux, Université Lyon 1), Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : m.peylhard@gmail.com

Abstract La Trypanosomose Animale Africaine (TAA) est une maladie à transmission vectorielle due à des protozoaires parasites du sang du genre *Trypanosoma*. Elle constitue un obstacle majeur au développement de l'élevage dans les zones humides et subhumides d'Afrique, du fait de la forte mortalité qu'elle occasionne.

Toutefois, il existe des races bovines taurines¹ d'Afrique de l'Ouest qui présentent une meilleure capacité à croître et à produire dans ces zones d'enzootie, on parle alors de races trypanotolérantes. Elles sont capables de contrôler la parasitémie et de limiter l'anémie ainsi que la perte de poids. A l'inverse, les races taurines européennes ainsi que les zébus sont des races trypanosensibles qui meurent généralement de l'infection en l'absence de traitement. Les données dont nous disposons sont issues d'une infection expérimentale qui a eu lieu au Burkina Faso en 2012, dans le cadre du projet ANR AAT-TOL. Cinq races bovines Ouest-africaines ont été infectées par *Trypanosoma congolense* et les phénotypes relatifs à l'anémie, à la parasitémie et au taux de leucocytes ont été récoltés et analysés².

Les objectifs généraux du projet sont d'identifier les bases moléculaires de la tolérance aux trypanosomoses dues à *Trypanosoma congolense* chez les bovins ouest-africains et d'améliorer les connaissances sur les interactions hôtes-parasites. Pour cela, nous travaillons sur des données de séquençage des ARNm (RNAseq) du tissu sanguin des bovins avant et au cours de l'infection.

Keywords : interactions hôte - parasite, trypanotolérance bovine, RNA-seq, *Trypanosoma congolense*, ressources génétiques animales

1. Les bovins sont séparés en deux sous-espèces : les taurins qui sont des bovins sans bosse thoraco-cervicale, et les zébus qui ont une bosse thoraco-cervicale. Les taurins ont été domestiqués dans le croissant fertile (actuel Iran) et les zébus dans la vallée de l'Indus (actuel Inde-Pakistan)

2. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0126498>

Evaluation du peptide tsgf1 comme biomarqueur d'exposition à *Glossina fuscipes* dans les foyers actifs de la Trypanosomose Humaine Africaine en Afrique centrale

Emilie DAMA^{1,*}, Veerle LEJON¹

1. UMR INTERTRYP (CIRAD, IRD, Université de Bordeaux, Université Lyon 1), Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France

* Corresponding author : dama_emilie@hotmail.fr

Abstract Au cours de nos travaux antérieurs, nous avons développé un nouvel outil sérologique biomarqueur d'exposition des humains aux tsé-tsé applicable en Afrique de l'Ouest où le vecteur principal est *Glossina palpalis*. Ce biomarqueur est basé sur un peptide salivaire synthétique identifié sur la séquence de la protéine salivaire de *Glossina morsitans morsitans* : Tsgf118-43. Contrairement aux outils entomologiques, il a l'avantage de mesurer le contact direct homme-tsé-tsé qui représente le risque réel de transmission de la maladie. Il a été utilisé avec succès au cours d'une LAV conduite dans le foyer de Boffa en Guinée. Le pays le plus touché par la THA est la République Démocratique du Congo (RDC) d'où provient plus de 80% des cas, et le vecteur principal est *Glossina fuscipes*. Dans l'objectif d'aboutir à un outil qui soit applicable aussi bien en Afrique de l'Ouest qu'en Afrique Centrale pour évaluer les opérations de lutte anti-vectorielle, ce présent stage vise à tester le pouvoir biomarqueur du peptide Tsgf118-43 sur des échantillons de plasmas d'individus vivant dans le foyer endémique de Bandundu en THA en RDC.

Keywords : Salive, Trypanosome Humaine Africaine, glossine

Session scientifique 5

Biologie des interactions : les bienfaits du vivre-ensemble

SESSION SCIENTIFIQUE 5. BIOLOGIE DES INTERACTIONS : LES BIENFAITS DU VIVRE-ENSEMBLE

Entre symbiotes et pathogènes : Shengen ou Rideau de Fer ?

Les bactéries colonisent tous les milieux et tous les organismes dans le cadre d'interactions polymorphes et de plus susceptibles d'évoluer sous la contrainte environnementale. Ancrées dans le sol, réceptacle final de toute vie terrestre, les plantes y sont particulièrement soumises, sous la forme de 3 grands groupes d'interactions :

- Symbiose (mutualisme)
- Commensalisme
- Pathogénicité

L'installation d'une interaction sous-entend le passage de l'indépendance à la confrontation, puis à la dépendance voire à l'interdépendance. L'analyse de cette installation et des échanges entre les acteurs la permettant est un sujet passionnant qui mobilise un grand nombre de travaux. Ces analyses supposent toutefois une artificialisation absolue, visant à ne mettre en présence que les deux acteurs (une plante - souvent axénique ou gnotoxénique - et un patrenaire microbien). C'est à cette condition que l'on peut attribuer à un des deux acteurs tel ou tel type de réaction. Si cette artificialisation expérimentale, inévitable, permet d'observer des interactions souvent manifestes mais dont il faut en mesurer le risque artefactuel.

La plante axénique : un mythe ? Les plantes ont su domestiquer des procaryotes leur permettant d'assurer des fonctions comme la respiration avec les mitochondries, ou l'acquisition de carbone via la photosynthèse avec les chloroplastes. Pour l'azote la domestication n'est pas complète et nécessite une réinternalisation de certaines bactéries fixatrices d'azote (rhizobium) à chaque cycle de germination. Cette internalisation peut être éventuellement shuntée si l'offre environnementale en azote combiné est suffisante. On peut donc parfaitement obtenir une plante sans rhizobium. Pour cela la piste classique, bien que pas toujours simple, consiste à stériliser la graine et à la maintenir en conditions stériles tout au long du cycle expérimental. Une autre solution est d'utiliser des plants stériles issus de culture *in vitro*. On peut avoir ainsi un matériel génétiquement fiable et théoriquement stérile, bien qu'un phénomène récurrent soit observé chez les producteurs de vitroplants : l'explosion périodique de contaminants d'abord considérés d'origine exogène mais parfois d'origine endophytique, véhiculé de manière latente lors des repiquages d'explants. Les approches de séquençage à haut débit en particulier permettent de montrer le caractère "non exceptionnel" de la présence d'endophytes bactériens chez les plantes, en particulier au niveau racinaire. Mis en relation avec les taux élevés de bactéries et microorganismes non cultivables (et donc non révélés par les contrôles de stérilité des graines ou d'explants) le phénomène d'endophytisme bactérien récurrent et cryptique est probablement sous estimé dans l'analyse de réponses spécifiques, de signa-

tions moléculaires et de reconnaissance cellulaire, analyses particulièrement basées sur le “toute chose étant égale par ailleurs”.

Taxonomie et valorisation microbienne : Si les 3 grands types d’interactions évoqués plus haut sont généralement reconnus, avec des variantes sémantiques, cette reconnaissance n’est pas sans conséquence pour la valorisation microbiologique. Le législateur est régulièrement consulté pour des autorisations de mise sur le marché de microorganismes divers et en particulier pour des applications agronomiques : biofertilisants, biostimulants etc... En France l’Anses est en charge de ces dossiers assez complexes, intégrant le concept de principe de précaution. En particulier, aujourd’hui, ce “principe de précaution” impose de rejeter tout ce qui comporte un risque pathogène voire est génétiquement proche d’un taxon pathogène. Il est donc logique de voir émerger des “listes rouges” de taxons bactériens non commercialisables. Avec les approches moléculaires la taxonomie a fait un pas de géant mais également ouvert un gouffre béant entre la classification/taxonomie moléculaire et les 3 grandes types d’interactions. Les bactéries fixatrices nodulant les légumineuses originellement rattachées à un seul taxon, *Rhizobium*, sont maintenant rangées dans –au moins- 14 genres et 2 classes différents. Les genres concernés dépassent très largement le cadre de la fonctions symbiotique. On sait maintenant que des taxons bactériens pathogènes animaux ou humains ou végétaux sont aussi des symbiotes de plantes (par exemple le genre *Burkholderia*, mais aussi des genres comme *Afipia* et *Bradyrhizobium*). Dans un tel cadre scientifique, il est difficile pour le législateur d’établir des règles simples y compris au niveau international (par exemple pour des inoculums bactériens d’origine exotique) et la taxonomie à elle seule n’est pas un critère fiable par rapport au principe de précaution.

Les exposés présentés dans cette session portent sur l’étude d’interactions entre des plantes et des microorganismes pathogènes ou bénéfique(s). Des études sur la caractérisation fonctionnelle de gènes (potentiellement) impliqués dans l’infection de ces deux types d’interactions seront présentées. Romain Labaune et Pauline Ribert présenteront l’avancée de leurs travaux sur des déterminants de la résistance du riz au champignon pathogène *Magnaporthe oryzae* alors que Ophélie Rocher, Nicolat Busset et Albin Teulet nous présenteront leurs travaux sur le rôle fonctionnels de gènes bactériens cibles impliqués dans l’interaction originale de type “nod-indépendante” entre *Bradyrhizobium* et *Aeschynomene*. Des travaux utilisant des approches sans a priori seront également présentés. Abdillah Mohamed nous présentera ses travaux basés sur une approche transcriptomique visant à identifier les bases moléculaires de l’effet antagoniste d’une bactérie rhizosphérique sur le développement de *M. oryzae* ; Léa Picard nous présentera ses travaux sur une approche GWAS (en plein essor du fait de la démocratisation des NGS)

SESSION SCIENTIFIQUE 5. BIOLOGIE DES INTERACTIONS : LES BIENFAITS DU VIVRE-ENSEMBLE

visant à identifier les traits génétiques liés à l'agressivité du champignon pathogène du bananier *Mycosphaerella fijiensis* et finalement Claire Benezech présentera ses travaux sur la recherche des mécanismes impliqués dans la réponse systémique adaptative au changement de statut azoté par une approche intégrative de *Medicago* en symbiose. Finalement, des études visant à identifier et à évaluer l'effet bénéfique sur des plantes d'intérêt de partenaires microbiens seront présentées. En effet, Seif-Eddine Haouam nous présentera ses travaux sur l'isolement de *Frankia* symbiotique de la plante actinorhizienne Casuarina ; Johan Quilbé et Dioumacor Fall nous présenteront leurs travaux sur l'utilisation de partenaires microbiens sélectionnés pour la promotion de croissance d'espèces d'Acacia adaptées aux sols ultramafiques et salés respectivement et Camille Gutzwiller nous présentera ses travaux sur la sélection et l'étude de bactéries diazotrophes et leurs effets sur des cultures de blé et de maïs. Finalement, Benoit Duong nous présentera l'avancée de ses travaux sur l'optimisation d'un inoculum de champignon endomycorhizien à large spectre d'hôte permettant de limiter l'apport d'intrants.

Antoine le QUÉRÉ et Yves PRIN

Étude de la résistance du riz à *Magnaporthe oryzae* : analyse structurelle et fonctionnelle du complexe protéique RGA4-RGA5

Romain LABAUNE^{1,*}, Thomas KROJ¹, Diana ORTIZ¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : romain.labaune@supagro.fr

Abstract La résistance des plantes aux agents pathogènes repose sur la reconnaissance de signaux par des récepteurs immunitaires. La principale famille de récepteurs immunitaires est celle des protéines NLR (NOD-like receptor) caractérisée par la présence d'un domaine Coiled-Coil en N-ter, un domaine Nucleotide Binding Site et un domaine Leucine Rich Repeat en C-ter et qui reconnaissent des facteurs de virulence appelés effecteurs. La pyriculariose est une des principales maladies du riz. Elle est causée par le champignon *Magnaporthe oryzae*. Il a été montré que les deux NLRs du riz RGA4 et RGA5 confèrent ensemble la résistance de la plante à des isolats de *M. oryzae* qui possèdent AVR-Pia ou AVR-CO39. RGA5 agit comme un récepteur pour les effecteurs AVR-Pia et AVR-CO39 tandis que RGA4 agit comme un activateur des défenses. RGA4 et RGA5 forment des homo- et hétéro-complexes. Dans mon stage, j'étudie l'implication des différents domaines dans le complexe RGA4/RGA5 en présence ou en absence d'AVR-Pia par co-immunoprécipitations. De plus, il existe des paires de gènes homologues au couple RGA4/RGA5. Ces paires de gènes semblent s'apparier spécifiquement. Dans mon stage, j'étudie cette spécificité de liaison par double hybride sur levures et par modélisation de la structure des protéines.

Keywords : pathogen recognition, NLR protein pairs, proteins interaction, *Magnaporthe oryzae*, rice

Etude de la resistance du riz face à *Magnaporthe oryzae* : cas de l'interaction Pi-ta, Ptr, AVR-Pita

Pauline RIBERT^{1,*}, Thomas KROJ¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : pauline.ribert@etu.umontpellier.fr ;
pauline.ribert@supagro.inra.fr

Abstract La pyriculariose, provoquée par le champignon *Magnaporthe oryzae*, est la maladie la plus importante du riz et menace la production de cette céréale.

La reconnaissance d'agents pathogènes par des protéines végétales de résistance (R) est très importante pour la résistance des plantes aux maladies. Les protéines R sont des protéines multi-domaines possédant un domaine de liaison aux nucléotides (NB) et un domaine de répétitions riche en leucine (LRR). Elles reconnaissent des protéines dites d'avirulence (Avr) d'agents pathogènes.

La protéine NB-LRR Pi-ta du riz confère la résistance à l'agent de la pyriculariose, *M. oryzae*, exprimant la protéine AVR-Pita. La liaison physique entre Pita et AVR-Pita est central dans cette reconnaissance. Les travaux de l'équipe suggèrent que Pi-ta interagit avec une deuxième protéine NB-LRR, Os12g18374. Mon projet de stage vise à conforter cette hypothèse et à analyser les bases moléculaires de cette interaction. Il sera analysé si Pi-ta et Os12g18374 interagissent physiquement. Par ailleurs, il sera analysé si Os12g18374, Pi-ta ou un complexe des deux active des défenses dans la plante. Enfin, le rôle des différents sous-domaines de Pi-ta et de Os12g18374 dans leur interaction et dans l'activation de la résistance seront étudiés.

Keywords : *Magnaporthe oryzae*, relation gène pour gène, protéine NBLR, riz

Association genetics to identify genes involved in aggressiveness traits in the plant pathogenic fungus *Mycosphaerellafijiensis*

Léa PICARD^{1,*}, Jean CARLIER¹, Sebastien RAVEL¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : lea.picard@cirad.fr

Abstract The fungal pathogen *Mycosphaerellafijiensis* causing black leaf streak disease of banana may be able to adapt to quantitatively resistant cultivars through changes in its aggressiveness. To understand this adaptation, it is necessary to determine the genetic basis of the aggressiveness traits involved. This study aims to identify genes of aggressiveness traits using a genome wide association study (GWAS) approach.

About 130 *M. fijiensis* isolates were collected on susceptible and quantitatively resistant banana trees in three different locations in Cuba. The genome of these isolates was then sequenced and SNP (single nucleotide polymorphism) calling was performed. There was low genetic structure between the three Cuban populations ($F_{st}=0.055$). Linkage disequilibrium (LD) declined to 50% within about 6kb. The population mutation rate theta first estimate was 0.06%.

A phenotype study was conducted to assess some aggressiveness traits using inoculations under controlled conditions : the number of symptoms and their total surface. Based on our variance analysis, we decided to use a simplified linear model taking only the cultivar and isolate effects into account, to calculate least-square means.

These preliminary analyses showed that the samples analyzed satisfy conditions to conduct a GWAS analysis (reasonable LD, limited population structure and phenotypic variability for the quantitative traits considered). Such a study is currently being performed using the GAP-IT R package.

Keywords : Association genetics, variant calling, aggressiveness, GWAS, fungal pathogen

Etude des mécanismes de régulation de l'élongation des nodosités matures en fonction du statut azoté de la plante.

Claire BENEZECH^{1,*}, Marc LEPETIT¹, Antoine Le QUÉRÉ¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier),
Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : claire_benezech@orange.fr

Abstract Afin de subvenir à la demande alimentaire d'une population mondiale croissante, il y a un réel besoin d'accroître la production des plantes cultivées. L'utilisation d'engrais chimiques permet d'augmenter les rendements des cultures agricoles, cependant, ces composés ont des coûts financiers et énergétiques lourds et peuvent, de surcroît, engendrer des conséquences néfastes sur l'environnement. Dans une perspective d'agriculture durable, il existe différentes alternatives possibles parmi lesquelles la biofertilisation. Mon stage a porté sur l'étude d'un mécanisme sophistiqué permettant aux légumineuses symbiotiques fixatrices d'azote de s'adapter aux fluctuations azotées dans le sol grâce à un mécanisme compensatoire régulé de manière systémique qui permet à la plante de moduler l'activité de fixation du diazote atmosphérique d'une partie des racines en fonction du statut azoté de la plante entière. Cette réponse adaptative de la plante se met en place dans un contexte particulier et est régulée de manière complexe. L'objectif majeur de ce travail est de mieux comprendre les éléments qui régulent cette interaction mutualiste et plus précisément d'étudier les mécanismes moléculaires impliqués dans la réponse développementale et fonctionnelle des organes symbiotiques (les nodules) matures en fonction de la disponibilité en N d'une partie du système racinaire en utilisant le couple symbiotique modèle *Medicago-Sinorhizobium*.

Keywords : Nutrition azotée, bactéroïdes, physiologie moléculaire, *Medicago truncatula*, *Sinorhizobium medicae*

Intensification écologique de la nutrition azotée des cultures céréalières par inoculation de bactéries associatives fixatrices d'azote

Camille GUTZWILLER^{1,2,*}, Jean-Claude CLEYET-MAREL¹, Ezékiel BAUDOIN¹, Benoit de SARRAU²

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. Xurian Environnement

* Corresponding author : c.gutzwiller@xurian.com

Abstract C'est dans le contexte d'une volonté actuelle de réduire l'usage des intrants chimiques en agriculture et leur impact environnemental que s'inscrit l'objectif de cette thèse Cifre associant l'entreprise Xurian Environnement et le Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes. Le but de cette étude est d'identifier des bactéries cultivables *in vitro* dont l'inoculation sur blé et maïs permettrait de substituer une partie des intrants azotés par fixation libre du diazote atmosphérique (diazotrophie) au niveau des racines. Pour Xurian Environnement, l'objectif final auquel participe cette thèse est de commercialiser un nouveau bio-inoculant pour les grandes cultures céréalières permettant d'améliorer leur nutrition azotée et leur croissance.

Le projet se divise en quatre phases, dont la première en cours concerne la constitution d'une souchothèque de bactéries diazotrophes taxonomiquement variées et isolées de racines de diverses variétés de blé et de maïs. Dans un deuxième temps, les niveaux de fixation du N₂ de ces souches seront comparés *in vitro*, sur sol et surtout in planta. En parallèle, d'autres propriétés phytostimulatrices seront évaluées *in vitro* afin d'affiner le classement des souches. Dans une troisième phase, l'aptitude des souches les mieux notées à coloniser les racines de blé et de maïs sera évaluée. Enfin, la quatrième phase portera sur le bénéfice des inoculations des meilleures souches issues des précédents cribles en terme de statut azoté des céréales dans un contexte de gradient de fertilisation azotée. En particulier, des souches mutées non-fixatrices d'azote seront mises au point pour confirmer l'implication de la diazotrophie dans les effets promoteurs de leur inoculation. De plus, des essais d'enrichissement isotopique ¹⁵N pourront être mis en place afin d'estimer les transferts d'azote de la biomasse diazotrophe vers la plante.

Keywords : Azote, diazotrophie, phytostimulation, bio-inoculant, cultures céréalières

La symbiose fixatrice d'azote *Casuarinaceae*-*Frankia* : isolement de souches d'Algérie et étude de l'activation de la voie de signalisation symbiotique

Seif-Eddine HAOUAM^{1,2,*}, Pr. Nadia YKHLEF², Dr. Hassen GHERBI¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. Laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales, Département of Biology and Ecology, Mentouri University, Constantine, Algeria

* Corresponding author : seif.haouam@yahoo.fr

Abstract La symbiose fixatrice d'azote nodulaire concerne les légumineuses et les plantes actinorhiziennes qui s'associent aux bactéries du sol, respectivement rhizobium et *Frankia*. Cette symbiose aboutit à la formation d'un organe, le nodule, centre d'échanges métaboliques entre la plante et le micro-organisme. En association avec *Frankia*, les espèces actinorhiziennes de la famille des *Casuarinaceae* peuvent croître sur des sols marginaux carencés en éléments nutritifs. Ce travail de thèse porte sur deux objectifs. Il s'agira tout d'abord d'isoler des *Frankia* à partir de la rhizosphère de *Casuarinaceae* cultivés en Algérie afin de les identifier et de les caractériser avec à terme l'obtention d'une nouvelle souche non répertoriée spécifique aux sols algériens. Dans une deuxième partie, nous nous intéressons au dialogue moléculaire entre *Frankia* et la plante hôte *Casuarina glauca* et notamment la perception et la transduction des signaux bactériens. Pour cela nous étudions deux gènes clés de la voie de signalisation symbiotique : le récepteur kinase de la famille des LysM-RLK (*NFP*) et la protéine kinase dépendante du calcium et de la calmoduline (*CCaMK*). Ces deux gènes sont indispensables à l'établissement de la symbiose rhizobienne chez les légumineuses et *CgCCaMK* est nécessaire à la symbiose actinorhizienne. A travers la caractérisation de ces deux gènes, l'objectif *in fine* est d'étudier comment les souches de *Frankia* isolées d'Algérie activent la voie de signalisation symbiotique chez *Casuarina*.

Keywords : Symbiose actinorhizienne, *Frankia*, *Casuarina*, *CgNFP*, *CCaMK*

Capacités PGPR et MHB de *Bradyrhizobium* symbiotiques d'*Acacia spirorbis*

Johan QUILBÉ^{1,*}, Philippe JOURAND¹, Coline DEVEAUTOUR², Marc DUCOUSSO¹, Laure HANNIBAL¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. Hawkesbury Institute for the Environment, University of Western Sydney, Australia

* Corresponding author : quilbejohan@gmail.com

Abstract Trois souches (STM7788, STM7791 et STM7802) de *Bradyrhizobium* symbiotiques fixatrice d'azote d'*Acacia spirorbis* endémique de Nouvelle-Calédonie présentent, en plus de leur caractère symbiotique, des fonctions associées à la promotion de la croissance des plantes (effet PGPR : Plant Growth Promoting Rhizobacteria) comme la production d'acide indole acétique, d'ACC déaminase, d'ammoniac, de sidérophores et solubilisation des phosphates ainsi que la capacité d'accroître la vitesse de croissance *in vitro* du mycélium d'un des principaux champignons ectomycorhiziens d'*A. spirorbis* : *Pisolithus albus*. Afin de comprendre les rôles de ces souches dans l'adaptation d'*A. spirorbis* à ses environnements, les bactéries ont été inoculées dans différentes conditions, à des espèces non-fixatrice d'azote.

Des germinations de colza, *Arabidopsis thaliana* (Columbia) et *Eucalyptus robusta* ont été inoculé *in vitro* en boîte de Pétri pour décrire les effets de ces trois bactéries sur le développement des jeunes plantes et notamment de leurs systèmes racinaires (effet PGPR).

Un dispositif statistique à trois facteurs contrôlés : *i*) l'espèce d'arbre inoculée par la souche MD06-337 de *P. albus* avec deux niveaux : *E. globulus* et *E. robusta*, *ii*) la souche inoculée avec trois niveaux : STM7788, STM7791 et STM7802, *iii*) la concentration de l'inoculum bactérien avec trois niveaux : DO = 1, 0.5 et 0.1), avec quatre répétitions par modalité pour décrire une éventuelle amélioration de l'ectomycorhization de ces plants (effet MHB : *Mycorrhiza Helper Bacteria*). Les jeunes plants de colza inoculés par les souches STM7788, STM7791 et STM7802 présentent une amélioration de la croissance (biomasse) qui reste néanmoins peu significative par rapport au témoin. Les résultats de vitesse d'élongation de la racine et de son architecture sont en cours d'analyse et il en est de même pour *A. thaliana* et *E. robusta*. L'essai mis en place pour révéler un éventuel effet MHB est en cours d'analyse.

Keywords : Rhizobium, PGPR, MHB, symbiose, mycorrhize

Optimisation des performances d'inocula de champignons mycorhiziens dans le cadre d'une agriculture à faible apport d'intrants

Benoit DUONG^{1,2,*}, Robin DUPONNOIS¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier),
Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

2. Agronutrition, Parc Activestre, 3 avenue de l'orchidée, 31390 Carbonne.

* Corresponding author : duongbenoit@gmail.com

Abstract La symbiose endomycorhizienne se définit par la relation symbiotique mutualiste qui s'établit entre les racines de près de 80% des plantes et certains champignons du sol. C'est la symbiose la plus représentée des écosystèmes terrestres. Bénéfique aux deux partenaires, il est à présent admis que ce sont les mycorhizes et non les racines qui représentent l'organe principal du prélèvement des nutriments. Ce sont des biotrophes obligatoires, complètement dépendants du carbone organique fourni par la plante afin de compléter leur cycle de vie¹. Les champignons endomycorhiziens font partie d'une vaste population de microorganismes qui peuplent la rhizosphère, on trouve également dans cette population des bactéries pouvant avoir un effet bénéfique sur l'établissement de la symbiose mycorhizienne et/ou sur la croissance de la plante (Mycorrhization Helper Bacteria, MHB et/ou Plant Growth Promoting Rhizobacteria, PGPR). Mon stage s'organisera sur l'étude de formulations d'inoculum combinant à la fois champignon mycorhizien et bactérie MHB et/ou PGPR.

Keywords : Symbiose, endomycorhize, PGPR, MHB

1. Smith and Read, 2010 (Mycorrhizal Symbiosis Third Edition)

Analyse du transcriptome du champignon *Magnaporthe oryzae* et d'une bactérie du genre *Burkholderia* mis en confrontation *in vitro*

Abdillah MOHAMED^{1,*}, Elisabeth FOURNIER¹, Sandrine CROS-ARTEIL¹, Sébastien RAVEL¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : abdillah.mohamed@etu.umontpellier.fr

Abstract La plante héberge de nombreux microorganismes commensaux ou pathogènes, au niveau de la phyllosphère ou de la rhizosphère. Ces microorganismes interagissent avec la plante mais aussi entre eux. Les interactions négatives entre micro-organismes, ou antibiose, pourraient être utilisées en lutte biologique. Différents mécanismes d'action chez des bactéries capables d'inhiber la croissance de champignons ont été décrits, soit directs (sécrétion d'antibiotiques, d'enzymes extracellulaires ou d'autres molécules antifongiques), soit indirects (compétition interspécifique pour les nutriments, induction d'une résistance systémique). Ce projet vise à étudier, par une approche de co-transcriptome, l'action antagoniste (démontrée *in vitro*) de la bactérie *Burkholderia gladioli* (Bg) régulièrement trouvée dans la phyllosphère du riz, sur le champignon phytopathogène *Magnaporthe oryzae* (Mo) responsable de la pyriculariose du riz. Nous avons extrait les ARN totaux de Mo et de Bg après 3 jours de confrontation en boîte de Pétri, en comparaison de situations témoins (cultures seules des deux organismes). Ces transcriptomes vont être séquencés avec la technique RNAseq. Nous allons comparer le transcriptome de chaque condition (témoin et confrontation). Ceci nous permettra de déterminer les gènes bactériens différentiellement exprimés au cours de l'antibiose. Les candidats possibles incluent les systèmes de sécrétion, les voies de synthèse des enzymes chitinolytiques, ou du métabolisme secondaire. Nous déterminerons également les gènes fongiques impliqués dans la perception et la réponse à la présence de la bactérie. Les candidats possibles incluent les gènes du métabolisme des glucides, de la réponse au stress, des oxydoréductases, les gènes impliqués dans la reconnaissance du soi, et des cascades de signalisation des champignons. Les résultats de ce travail pourront contribuer à l'élaboration de méthodes de biocontrôle pour aider à réduire l'utilisation des produits phytosanitaires sur le riz.

Keywords : Champignon phytopathogène, bactérie antagoniste, RNAseq, riz, lutte biologique

Hopanoids play an important role to optimize bacterial survival in both free-living and symbiotic states of *Bradyrhizobium* strains

Nicolas BUSSET^{1,*}, Éric GIRAUD¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier),
Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : nicolas.busset@ird.fr

Abstract Identifying molecules involved in bacterial resistance to various stresses encountered during the plant-bacteria symbiosis would improve our ability to stimulate plant growth. Hopanoids molecules, that are structural homologs of cholesterol, are expected to play a similar role to improve the rigidity and stability of the bacterial membranes, thus increasing bacterial resistance to various abiotic stresses. Unlike rhizobia, the outer membrane (OM) of *Bradyrhizobium* strains is enriched in hopanoids. In fact, their OM contains free hopanoids, but also a novel structure, an hopanoid molecule covalently attached to the lipid A. Here we investigate the role of hopanoids in two *Bradyrhizobium* strains, the photosynthetic strain BTAi1 and the non-photosynthetic strain *B. diazoefficiens*. In the strain BTAi1, a complete hopanoid deficient mutant was built by mutating the squalene hopene cyclase gene (*shc*). This mutant displays increased sensitivity to stressful conditions and reduced ability to survive intracellularly in *Aeschynomene* host plant. Thereafter, the role of the two most important hopanoids family, 2-methylated (2Me) and extended (C35) hopanoids, was investigated in *B. diazoefficiens*. We highlighted that C35 hopanoids, which are those linked to lipid A, reinforces the stability and rigidity of the outer membrane and are necessary for an optimal symbiosis with the host *Aeschynomene afraspera*. In conclusion, hopanoids play an important role to optimize bacterial survival in both free-living and symbiotic states of *Bradyrhizobium* strains.

Keywords : Rhizobia, symbiosis, Legumes, hopanoids

Inoculation microbienne et application de coques d'arachide : des technologies novatrices pour améliorer la croissance des *Acacia* et la fertilité des sols salés au Sénégal

Dioumacor FALL^{1,2,3,4,*}, Niokhor BAKHOUM², Fatoumata FALL^{2,3}, Fatou DIOUF^{2,3}, Mayécor DIOUF⁴, Dr Valérie HOCHER⁴, Dr Djamel GULLY⁴, Dr Diégane DIOUF^{2,3,5}

1. ISRA/CNRF, Route des Pères Maristes, BP 2312, Dakar-Sénégal.
2. LCM-Laboratoire Commun de Microbiologie IRD/ISRA/UCAD, Centre de Recherche de Bel-Air, BP 1386, Dakar-Sénégal.
3. Laboratoire Mixte International Adaptation des Plantes et microorganismes associés aux Stress Environnementaux (LAPSE), BP 1386 Dakar, Sénégal.
4. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.
5. Département de Biologie Végétale, Université Cheikh Anta Diop de Dakar, BP 5005, Dakar-Sénégal.

* Corresponding author : dioumacorfall@yahoo.fr ; dioumacor.fall@isra.sn

Abstract

Contexte/problématique Au Sénégal, 1,7 millions ha sur les 3,8 millions d'ha de terres arables ont affectées par la salinité avec comme conséquences une dégradation des sols et une baisse de la productivité végétale. Notre étude a pour objectif de contribuer à la restauration des sols salés par des méthodes agro-biologiques. Des expériences ont été réalisées en conditions salines avec deux espèces agroforestières *Acacia senegal* et *A. seyal* pour évaluer l'effet de *i*) l'inoculation microbienne (rhizobia et champignons endomycorhiziens) et *ii*) de l'apport de coques d'arachide sur la croissance de ces espèces et sur les caractéristiques chimiques et microbiologiques du sol.

Matériel et méthodes Les plants ont été cultivés sur un sol non salé et non stérile. L'inoculation microbienne a été réalisée au semis. Quatre doses de coque d'arachide (0, 4, 6, 8 T / ha) ont été testées. Après 1 mois de culture, les plants ont ensuite été arrosés avec 4 concentrations de NaCl (0, 86, 171, 257 mM) pendant 3 mois. Résultats : Les résultats montrent que la meilleure croissance est obtenue respectivement avec l'inoculation mycorhizienne et la double inoculation (rhizobienne + mycorhizienne). L'apport de coque d'arachide améliore significativement la croissance des plants et la fertilité des sols salés. Selon la dose apportée, la coque d'arachide a un impact plus ou moins

marqué sur la nodulation et la mycorhization des plants.

Discussion / Conclusion Nos résultats ont montré que l'inoculation microbienne et l'apport de coque d'arachide peuvent contribuer à la restauration et à la valorisation des terres salées. En parallèle, une étude moléculaire est en cours afin d'évaluer l'impact de ces différents traitements sur l'expression de gènes liés à la tolérance au stress salin chez les espèces d'*Acacia*.

Keywords : *Rhizobia*, champignons endomycorhiziens, matière organique, salinisation, légumineuses

Dissection des mécanismes moléculaires de la symbiose Nod-indépendante T3SS-dépendante chez *Aeschynomene* : caractérisation d'effecteurs symbiotiques

Albin TEULET^{1,*}, Eric GIRAUD¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : albin.teulet@hotmail.fr

Abstract Pendant longtemps, il a été supposé que la mise en place de la symbiose rhizobium-légumineuse reposait sur un échange de molécules signal entre les 2 partenaires dans lequel la synthèse de facteurs Nod (FN) par la bactérie était indispensable¹. Cependant, en 2007, un premier mécanisme symbiotique FN-indépendant est découvert chez certaines espèces de légumineuses tropicales du genre *Aeschynomene*, nodulées par des *Bradyrhizobium* photosynthétiques dépourvus des gènes *nodABC* canoniques nécessaires à la synthèse des FN². Plus récemment, un second mécanisme FN-indépendant a été mis en évidence sur le soja puis sur *Aeschynomene indica*, en interaction avec des *Bradyrhizobium* non photosynthétiques tel que la souche STM6978^{3,4}. Cette nouvelle interaction se distingue de la précédente par le fait qu'elle implique la fonctionnalité du système de sécrétion de type III (T3SS) de la bactérie, suggérant que des T3SS effecteurs injectés dans les cellules de l'hôte activent la voie symbiotique aboutissant à la formation de nodules fonctionnels. L'objectif de mon stage de Master 2 est de progresser dans la compréhension de ce processus symbiotique, qui se base sur une stratégie pathogène, et de caractériser les effecteurs symbiotiques ou Nops (nodulation outer proteins) de la souche STM6978. Une recherche *in silico* d'effecteurs dans le génome de cette souche a permis l'identification de 50 Nops putatifs et il est prévu de réaliser une mutagenèse de chacun d'entre

1. Lerouge *et al.* (1990) Symbiotic host-specificity of *Rhizobium meliloti* is determined by a sulphated and acylated glucosamine oligosaccharide signal. *Nature* 344 : 781-784

2. Giraud *et al.* (2007) Legumes symbioses : Absence of Nod genes in photosynthetic bradyrhizobia. *Science* 316 : 1307-1312

3. Okazaki *et al.* (2013) Hijacking of leguminous nodulation signaling by the rhizobial type III secretion system. *PNAS* 110 : 17131-17136

4. Okazaki *et al.* (2016) Rhizobium-legume symbiosis in the absence of Nod factors : two possible scenarios with or without the T3SS. *ISME Journal* 10 : 64-74

SESSION SCIENTIFIQUE 5. BIOLOGIE DES INTERACTIONS : LES BIENFAITS DU VIVRE-ENSEMBLE

eux. La mutation d'une première série d'effecteurs putatifs montre des effets contrastés allant de l'augmentation de la taille des nodules formés à une diminution drastique de la nodulation sur *A. indica* pour *Nop*₃₈₀₀₀₄. A présent, il reste à poursuivre cette approche de mutagenèse sur les autres gènes candidats, et à caractériser le mode d'action de ce dernier effecteur *Nop*₃₈₀₀₀₄ qui semble jouer un rôle majeur dans la symbiose FN-indépendante T3SS-dépendante.

Keywords : Symbiose, T3SS, effecteur, *Bradyrhizobium*, Nod-indépendant

Caractérisation biochimique du mutant *gltD* de la souche ORS285 de *Bradyrhizobium*

Ophélie ROCHER^{1,*}, Nico NOUWEN¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier), Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : ophelie.r94@laposte.net

Abstract Mon sujet de stage se concentre sur l'interaction symbiotique entre la souche *Bradyrhizobium* ORS285 photosynthétique et la légumineuse *Aeschynomene indica*. La particularité de cette interaction est qu'elle ne dépend pas de la synthèse de facteur Nod (mécanisme NF indépendant). Lors d'un criblage de mutants d'ORS285 affectés dans l'interaction symbiotique avec la plante, le mutant *Bradyrhizobium gltD* : :Tn5 a été mis en avant car c'est l'un des seuls mutants qui n'induit pas la formation de nodules chez la plante. Le gène *gltD* est une sous unité de l'enzyme GOGAT. Au vues des fortes conséquences de cette mutation je vais donc chercher à comprendre quelle est la fonction du gène *gltD* et quel est le rôle de l'enzyme GOGAT dans le cycle de l'ammonium chez la bactérie et dans l'interaction symbiotique avec la plante. Pour ceci, je vais tout d'abord comparer les capacités de croissance de la souche sauvage et de la souche mutante sur des milieux contenant différentes sources d'azote. La mutation dans l'enzyme GOGAT rend la souche mutante incapable de former du glutamate à partir de l'ammonium. Pour étudier si l'auxotrophie du glutamate est responsable du défaut de mise en place de nodules, j'essayerai de restaurer le phénotype de nodulation en ajoutant d'une part du glutamate au milieu de croissance de la plante ou d'autre part en introduisant le gène *gdhA* de *Escherichia coli* chez la souche *Bradyrhizobium* par conjugaison. En effet le gène *gdhA* code pour l'enzyme glutamate déshydrogénase qui permet de former du glutamate par une autre voie métabolique que celle présente naturellement chez *Bradyrhizobium* ORS285.

Keywords : Nodulation, *gltD*, GOGAT, *Bradyrhizobium* photosynthétique, glutamate

Session posters

The interactive influence of *Drosophila suzukii* and *D. melanogaster* on sour rot outbreaks in grapevine

Antoine ROMBAUT¹

1. UMR CBGP (INRA, IRD, CIRAD, Montpellier SupAgro), Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016, F-34 988, Montferrier-sur-Lez, France
antoine.rombaut@supagro.inra.fr

Innovations dans les dynamiques territoriales de développement à l'Ouest de la Bahia/ Brésil

Cláudia de SOUZA¹

1. UMR Innovation (CIRAD, INRA, Montpellier Supagro), Montferrier-sur-Lez, France.
sclaudias@gmail.com

Analyse des transcriptomes des variétés aromatiques équatoriennes de cacaoyer pour leur caractère de qualité

Eduardo MORILLO VELASTEGUI¹

1. UMR AGAP (Cirad, INRA, Montpellier SupAgro), Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes Méditerranéennes et Tropicales, F-34398 Montpellier, France
eduardo.morillo_velastegui@cirad.fr

ROS activates Turnip Mosaic Virus transmission

Edwige BERTHELOT¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.
edwige.berthelot@supagro.inra.fr

A predictive immunity rate dynamics model to support decision making in vaccination strategies : the case of Peste des petits ruminants in Senegal

Pachka HAMMAMI^{1,2,*}, Renaud LANCELOT¹, Matthieu LESNOFF²

1. UMR CMAEE (CIRAD, INRA), Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes, Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France

2. UMR Selmet (CIRAD, INRA, SupAgro Montpellier), Systèmes d'élevage méditerranéens et tropicaux, Campus International de Baillarguet, Montferrier-sur-Lez, France

* pachka.ammami@cirad.fr

Two new loci involved in bacteroid differentiation during *Bradyrhizobium/Aeschynomene* symbiosis

Van Phuong NGUYEN¹

1. UMR LSTM (IRD, CIRAD, INRA, SupAgro, Université de Montpellier),
Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus Interna-
tional de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

phuongibt@gmail.com

LE PRINTEMPS DE *Baillarguet*

Accès et lieux de l'évènement



Actes du Printemps de Baillarguet
8ème édition
2 et 3 juin 2016
Montferrier-sur-Lez, France

Courriel : printemps_baillarguet@cirad.fr
[www.http://printemps-baillarguet.e-monsite.com/](http://printemps-baillarguet.e-monsite.com/)